



FIGURE 1

CTAAAAAATATGTTCTCTACAACACCAAGGCTCATTAAAAATATTTTAAATATT  
AATATACATTTCTTCTGTCAGAAATACATAAACTTTATTATATCAGCGCAGG  
GCGGCGCGGCGTCCGTCGGGAGCAGAACCCGGCTTTTTCTTGGAGCGACG  
CTGTCTCTAGTCGCTGATCCCAAATGCACCGGCTCATCTTTGTCTACACTCTA  
ATCTGCGCAAACCTTTTGCAGCTGTCGGGACACTTCTGCAACCCCGCAGAGCG  
CATCCATCAAAGCTTTGCGCAACGCCAACCTCAGGCGAGATGAGAGCAATCA  
CCTCACAGACTTGTACCGAAGAGATGAGACCATCCAGGTGAAAGGAAACGG  
CTACGTGCAGAGTCTAGATTCCCGAACAGCTACCCAGGAACCTGCTCCTG  
ACATGGCGGCTTCACTCTCAGGAGAATACACGGATACAGCTAGTGTGACA  
ATCAGTTTGGATTAGAGGAAGCAGAAAATGATATCTGTAGGTATGATTTTGT  
GGAAGTTGAAGATATATCCGAAACCAGTACCATTATTAGAGGACGATGGTGT  
GGACACAAGGAAGTTCCTCCAAGGATAAAATCAAGAACGAACCAAATTTAAA  
ATCACATTCAAGTCCGATGACTACTTTGTGGCTAAACCTGGATTCAAGATTTA  
TTATTCTTTGCTGGAAGATTTCCAACCCGCAGCAGCTTCAGAGACCAACTGGG  
AATCTGTCACAAGCTCTATTTCAAGGGGTATCCTATAACTCTCCATCAGTAACG  
GATCCCACTCTGATTGCGGATGCTCTGGACAAAAAATTGCAGAATTTGATA  
CAGTGGAAGATCTGCTCAAGTACTTCAATCCAGAGTCATGGCAAGAAGATCT  
TGAGAATATGTATCTGGACACCCCTCGGTATCGAGGCAGGTCATACCATGAC  
CGGAAGTCAAAAGTTGACCTGGATAGGCTCAATGATGATGCCAAGCGTTACA  
GTTGCACTCCCAGGAATTACTCGGTCAATATAAGAGAAGAGCTGAAGTTGGC  
CAATGTGGTCTTCTTTCCACGTTGCCTCCTCGTGCAGCGCTGTGGAGGAAATT  
GTGGCTGTGGAAGTCAACTGGAGGTCTGCACATGCAATTCAGGGAAAAC  
CGTGAAAAAGTATCATGAGGTATTACAGTTTGAGCCTGGCCACATCAAGAGG  
AGGGGTAGAGCTAAGACCATGGCTCTAGTTGACATCCAGTTGGATCACCATG  
AACGATGTGATTGTATCTGCAGCTCAAGACCACCTCGATAAGAGAATGTGCA  
CATCCTTACATTAAGCCTGAAAGAACCTTTAGTTTAAGGAGGGTGAGATAAG  
AGACCCTTTTCTACCAGCAACCAAACCTTACTACTAGCCTGCAATGCAATGA  
ACACAAGTGGTTGCTGAGTCTCAGCCTTGCTTTGTTAATGCCATGGCAAGTAG  
AAAGGTATATCATCAACTTCTATACCTAAGAATATAGGATTGCATTTAATAAT  
AGTGTGTTGAGGTTATATATGCACAAACACACAGAAATATATTCATGTCTAT  
GTGTATATAGATCAAATGTTTTTTTTTGGTATATATAACCAGGTACACCAGAGC  
TTACATATGTTTGAGTTAGACTCTTAAATCCTTTGCCAAAATAAGGGATGGT  
CAAATATATGAAACATGTCTTTAGAAAATTTAGGAGATAAATTTATTTTAAA  
TTTTGAAACACAAAACAATTTTGAATCTTGCTCTCTTAAAGAAAGCATCTTGT  
ATATTAATAAATCAAAAGATGAGGCTTTCTTACATATACATCTTAGTTG (SEQ  
ID NO:50)



10041860.001302

ANTIBIOTICS DIRECTED TO PDGFD AND USES THEREOF

Corvalan et al.

Appl. No.: 10/041,860 Atty Docket: ABGENIX.051A

Figure 2A

1 CTAAAAAATATGTTCTCTACAACACCAAGGCTCATTAAAAATATTT  
46 TAAATATTAAATATACATTTCTTCTGTCAGAAATACATAAACTTT  
5 91 ATTATATCAGCGCAGGCGGGCGGCGGCGTCCCGGGAGCAGAA  
136 CCCGGCTTTTCTTGGAGCGACGCTGTCTCTAGTCGCTGATCCCA  
  
181 AATGCACCGGCTCATCTTTGTCTACACTCTAATCTGCGCAAACCTT  
MetHisArgLeuIlePheValTyrThrLeuIleCysAlaAsnPhe  
10 226 TTGCAGCTGTGCGGACACTTCTGCAACCCCGCAGAGCGCATCCAT  
CysSerCysArgAspThrSerAlaThrProGlnSerAlaSerIle  
  
271 CAAAGCTTTGCGCAACGCCAACCTCAGGCGAGATGAGAGCAATCA  
15 LysAlaLeuArgAsnAlaAsnLeuArgArgAspGluSerAsnHis  
  
316 CCTCACAGACTTGTACCGAAGAGATGAGACCATCCAGGTGAAAGG  
LeuThrAspLeuTyrArgArgAspGluThrIleGlnValLysGly  
  
20 361 AAACGGCTACGTGCAGAGTCCTAGATTCCCGAACAGCTACCCCG  
AsnGlyTyrValGlnSerProArgPheProAsnSerTyrProArg  
  
406 GAACCTGCTCCTGACATGGCGGCTTCACTCTCAGGAGAATACACG  
AsnLeuLeuLeuThrTrpArgLeuHisSerGlnGluAsnThrArg  
25 451 GATACAGCTAGTGTGTTGACAATCAGTTTGGATTAGAGGAAOCAGA  
IleGlnLeuValPheAspAsnGlnPheGlyLeuGluGluAlaGlu  
  
496 AAATGATATCTGTAGGTATGATTTTGTGGAAGTTGAAGATATATC  
30 AsnAspIleCysArgTyrAspPheValGluValGluAspIleSer  
  
541 CGAAACCAGTACCATTATTAGAGGACGATGGTGTGGACACAAGGA  
GluThrSerThrIleIleArgGlyArgTrpCysGlyHisLysGlu  
  
35 586 AGTTCTCCAAGGATAAAATCAAGAACGAACCAAATTAAATCAC  
ValProProArgIleLysSerArgThrAsnGlnIleLysIleThr  
  
631 ATTCAAGTCCGATGACTACTTTGTGGCTAAACCTGGATTCAAGAT



Figure 2B

PheLysSerAspAspTyrPheValAlaLysProGlyPheLysIle

676 TTATTATTCTTTGCTGGAAGATTTCACCCGCGCAGCTTCAGA  
TyrTyrSerLeuLeuGluAspPheGlnProAlaAlaAlaSerGlu

721 GACCAACTGGGAATCTGTCACAAGCTCTATTTGAGGGTATCCTA  
ThrAsnTrpGluSerValThrSerSerIleSerGlyValSerTyr

766 TAACTCTCCATCAGTAACGGATCCCACTCTGATTGCGGATGCTCT  
AsnSerProSerValThrAspProThrLeuIleAlaAspAlaLeu

811 GGACAAAAAATTCAGAAATTTGATACAGTGGGAAGATCTGCTCAA  
AspLysLysIleAlaGluPheAspThrValGluAspLeuLeuLys

856 GTACTTCAATCCAGAGTCATGGCAAGAAGATCTTGAGAATATGTA  
TyrPheAsnProGluSerTrpGlnGluAspLeuGluAsnMetTyr

901 TCTGGACACCCCTCGGTATCGAGGCAGGTCATACCATGACCGAA  
LeuAspThrProArgTyrArgGlyArgSerTyrHisAspArgLys

946 GTCAAAAGTTGACCTGGATAGGCTCAATGATGATGCCAAGCGTTA  
SerLysValAspLeuAspArgLeuAsnAspAlaLysArgTyr

991 CAGTTGCACTCCCAGGAATTACTCGGTCAATATAAGAGAAGAGCT  
SerCysThrProArgAsnTyrSerValAsnIleArgGluGluLeu

1036 GAAGTTGGCCAATGTGGTCTTCTTTCCACGTTGCCTCCTCGTGCA  
LysLeuAlaAsnValValPhePheProArgCysLeuLeuValGln

1081 GCGCTGTGGAGGAAATTGTGGCTGTGGAAGTGTCAACTGGAGGTC  
ArgCysGlyGlyAsnCysGlyCysGlyThrValAsnTrpArgSer

1126 CTGCACATGCAATTCAGGGAAAACCGTGAAAAAGTATCATGAGGT  
CysThrCysAsnSerGlyLysThrValLysLysTyrHisGluVal

1171 ATTACAGTTTGAGCCTGGCCACATCAAGAGGAGGGGTAGAGCTAA  
LeuGlnPheGluProGlyHisIleLysArgArgGlyArgAlaLys



1216 GACCATGGCTCTAGTTGACATCCAGTTGGATCACCATGAACGATG  
ThrMetAlaLeuValAspIleGlnLeuAspHisHisGluArgCys

Figure 2C

5 1261 TGATTGTATCTGCAGCTCAAGACCACCTCGATAAGAGAATGTGCA  
AspCysIleCysSerSerArgProProArg (SEQ ID NO:12)

10 1306 CATCCTTACATTAAGCCTGAAAGAACCTTTAGTTTAAGGAGGGTG  
1351 AGATAAGAGACCCCTTTTCCTACCAGCAACCAAACCTTACTACTAGC  
1396 CTGCAATGCAATGAACACAAGTGGTTGCTGAGTCTCAGCCTTGCT  
1441 TTGTTAATGCCATGGCAAGTAGAAAGGTATATCATCAACTTCTAT  
1486 ACCTAAGAATATAGGATTGCATTTAATAATAGTGTGTTGAGGTTAT  
1531 ATATGCACAAACACACACAGAAATATATTTCATGTCTATGTGTATA  
1576 TAGATCAAATGTTTTTTTTTGGTATATATAACCAGGTACACCAGAG  
1621 CTTACATATGTTTGAGTTAGACTCTTAAATCCTTTGCCAAAATA  
15 1666 AGGGATGGTCAAATATATGAAACATGTCTTTAGAAAAATTAGGAG  
1711 ATAAATTTATTTTTAAATTTTGAAACACAAAACAATTTGAATCT  
1756 TGCTCTCTTAAAGAAAGCATCTTGTATATTTAAAAATCAAAGATG  
1801 AGGCTTTCCTTACATATACATCTTAGTTG (SEQ ID NO:50)



**FIGURE 3**

A -- Cur2 1.6 heavy chain nucleotide sequence

GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTGGTCAAGCCTGGGGGGTCCC  
TGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGGATTCAACTTCAGAACCTATAACATGAAC  
TGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCATCCATTAGTA  
GTAGTAGTAGTAACATATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCCGATTACCAT  
CTCCAGAGACAACGCCAAGAAGTCACTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGA  
GCCGAGGACACGGCTGTATATTACTGTGCGAGAGATATTATGATTACGTTTG  
GGGGAATTATCGCCTCGTTCTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTC  
ACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:55)

B -- Cur2 1.6 heavy chain amino acid sequence

EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFNFRITYNMNWVRQAPGKGLEWVSSISS  
SSNIYYADSVKGRFTISRDNKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDIMITFGGIIAS  
FYFDYWGGQGLTVTVSS (SEQ ID NO:13)

C -- Cur2 1.6 light chain nucleotide sequence

GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAG  
AGTCACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGATTTAGGCTGG  
TTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCA  
GTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGA  
ATTCATCTCACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACT  
GTCTACAGCATAATAGTTACCCGCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGA  
GATCAAAC (SEQ ID NO:56)

D -- Cur2 1.6 light chain amino acid sequence

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWFQKPKAPKRLIYAASSLQ  
SGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGGTKVEIK (SEQ  
ID NO:14)



**FIGURE 4**

A -- Cur2 1.11 heavy chain nucleotide sequence

GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGGAGGCTTGATCCAGCCTGGGGGGTCCC  
TGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGGGTTCACCGTCAGTAGCAACTACATGAGC  
TGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCAGTTATTTATA  
GCGGTGGTAGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTC  
CAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCC  
GAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGGGAACGGTGACTACGAATTACTACT  
ACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAG (SEQ  
ID NO:57)

B -- Cur2 1.11 heavy chain amino acid sequence

EVQLVQSGGGLIQPGSLRLSCAASGFTVSSNYMSWVRQAPGKGLEWVSVIYSG  
GSTYYADSVKGRFTISRDN SKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAGTVTTNYYYGM  
DVWGQGTTVTVSS (SEQ ID NO:15)

C -- Cur2 1.11 light chain nucleotide sequence

GATATTGTGATGACTCAGTCTCCACTCTCCCTGCCCCGTCACCCCTGGAGAGCC  
GGCCTCCATCTCCTGCAGGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCAAAGTAATGGATAC  
AACTATTTGGATTGGTACCTGCAGAAGCCAGGGCAGTCTCCACAGCTCCTGA  
TCTATTTGGGTTCTAATCGGGCCTCCGGGGTCCCTGACAGGTTCAAGTGGCAGT  
GGATCAGGCACAGATTTTACACTGAAAATCAGCAGAGTGGAGGCTGAGGATG  
TTGGGGTTTATTACTGCATGCAAGCTCTACAACTCTCACTTTCGGCGGAGGG  
ACCAAGGTGGAGATCAAAC (SEQ ID NO:58)

D -- Cur2 1.11 light chain amino acid sequence

DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLQSNQNYLDWYLQKPGQSPQLLIYLG  
SNRASGVPRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQALQTLTFGGGKVEI  
K (SEQ ID NO:16)



**FIGURE 5**

A -- Cur2 1.17 heavy chain nucleotide sequence

CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCGGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAAGTCCC  
TGAGACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGGCATGCAC  
TGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGT  
ATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCAT  
CTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGA  
GCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATCAAGGATACAGATATG  
CTGGTTACTACTACGACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGT  
CACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:59)

B -- Cur2 1.17 heavy chain protein sequence

QVQLVESGGGVVQPGKSLRLSCAASGFTSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAVIW  
YDGSNKYYADSVKGRFTISRDN SKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDQGYRYA  
GYYYDYGMDVWGQGT TVTVSS (SEQ ID NO:17)

C -- Cur2 1.17 light chain nucleotide sequence

GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAG  
AGTCACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGATTTAGGCTGG  
TATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCA  
GTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAAGCGCAGTGGATCTGGGACAGA  
ATTCATCTCACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACT  
GTCTACAGCATAATAGTTACCCGCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGA  
GATCAAAC (SEQ ID NO:60)

D -- Cur2 1.17 light chain protein sequence

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASSLQ  
SGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGGTKVEIK (SEQ  
ID NO:18)



**FIGURE 6**

A -- Cur2 1.18 heavy chain nucleotide sequence

CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCGGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCA  
GTGAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGTTATGATATCAA  
CTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATGAA  
CCCAAACAGTGGTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACC  
ATGACCAGGAACACCTCCATAAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGA  
GATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAGGGGTATAGCAGTGGC  
TGGGACATACTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACG  
GTCACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:61)

B -- Cur2 1.18 heavy chain protein sequence

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWM  
NPNSGNTGYAQKFQGRVTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDVAVYYCAREGIAVAG  
TYYYYYGMVDVWGQGTTVTVSS (SEQ D NO:19)

C -- Cur2 1.18 light chain nucleotide sequence

GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAG  
AGTCACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGATTTAGGCTGG  
TATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCA  
GTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGA  
ATTCACTCTCACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTCT  
GTCTACAGCATAATAGTTACCCATTCACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGAT  
ATCAAAC (SEQ ID NO:62)

D -- Cur2 1.18 light chain protein sequence

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASSLQ  
SGVPSRFSGSGSGTEFTLTISLQPEDFATYFCLQHNSYPFTFGPGTKVDIK (SEQ  
ID NO:20)





**FIGURE 7**

A -- Cur2 1.19 heavy chain nucleotide sequence

CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAG  
TGAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGTTATGATATCAAC  
TGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATGAAC  
CCTAACAGTGGTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCA  
TGACCAGGAACACCTCCATAAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAG  
ATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGACGTTATGATTACGTTTG  
GGGGAGTTATCGTGCCTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGT  
CACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:63)

B -- Cur2 1.19 heavy chain amino acid sequence

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWM  
NPNSGNTGYAQKFQGRVTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDNAVYYCARDVMITFG  
GVIVHYGMDVWGQGTITVTVSS (SEQ ID NO:21)

C -- Cur2 1.19 light chain nucleotide sequence

GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAG  
AGTCACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGATTTAGGCTGG  
TATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCA  
GTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAAGCGCAGTGGATCTGGGACAGA  
TTTCACTCTCACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACT  
GTCTACAGCATAATAGTGACCCGTGCAGTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGA  
GATCAGAC (SEQ ID NO:64)

D -- Cur2 1.19 light chain amino acid sequence

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASSLQ  
SGVPSRFSGSGSGTDFLTISLQPEDFATYYCLQHNSDPCSFQGTGLEIR (SEQ  
ID NO:22)



10041860.001302

ANTIBODIES DIRECTED TO PDGFD AND USES THEREOF

Corvalan et al.

Appl. No.: 10/041,860

Atty Docket: ABGENIX.051A

**FIGURE 8**

A -- Cur2 1.23 heavy chain nucleotide sequence

GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCAGAGGTGAAAAAGCCCGGGGAGTCT  
CTGAAGATCTCCTGTGAGGGTTCTGGATACAGCTTTACCAGCTACTGGATCGG  
CTGGGTGCGCCAGATGCCCGGGAAAGGCCTGGAGTGGATGGGGATCATCTAT  
CCTGGTGACTCTGATACCAGATACAGCCCGTCCTTCCAAGGCCAGGTCACCA  
TCTCAGCCGACAAGTCCATCAGCACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAA  
GGCCTCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGACATGTATCGTATTACTATG  
TTTCGGGGAGTTATTATAACGTCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTC  
ACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:65)

B -- Cur2 1.23 heavy chain amino acid sequence

EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCEGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIYPG  
DSDTRYSPSFQGGQVTISADKSISTAYLQWSSLKASDTAMYCARHVSYYYVSGS  
YYNVFDYWGQGTLLVTVSS (SEQ ID NO:23)

C -- Cur2 1.23 light chain nucleotide sequence

GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAG  
AGTCACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGATTTAGGCTGG  
TATCAGCAGATACCAGGGAAAGCCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCA  
GTTTGCAACGTGGGGTCCCATCAAGGTTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGA  
ATTCACCTCTCACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACT  
GTCTACAGCATAATAGTTACCCGTGGACGTTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGA  
AATCAAAC (SEQ ID NO:66)

D -- Cur2 1.23 light chain amino acid sequence

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQIPGKAPKRLIYAASSLQR  
GVPSRFSGSGSGTEFTLTISLQPEDFATYYCLQHNSYPWTFGQGTKVEIK (SEQ  
ID NO:24)



**FIGURE 9**

**A -- Cur2 1.24.1 heavy chain nucleotide sequence**

CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCC  
TGAGACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTTCAGTTTCAGTAGCTATGGCATGCAC  
TGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGATATATGGT  
ATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTACCAT  
CTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGA  
GCCGAGGACACGGCTGTGTATTATTGTGCGAGAGATCAGGGATACAGCTATG  
GTTACGTCTACTACGACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGT  
CACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:67)

**B -- Cur2 1.24.1 heavy chain protein sequence**

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVADIW  
YDGSNKYYADSVKGRFTISRDN SKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDQGYSYG  
YVYYDYGMDVWGQGTITVTVSS (SEQ ID NO:25)

**C -- Cur2 1.24.1 light chain nucleotide sequence**

GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAG  
AGTCACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGATTTAGGCTGG  
TATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCA  
GTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGA  
GTTCACTCTCACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACT  
GTCTACAGCATAATAGTTACCCGTGGACGTTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGA  
AATCAAAC (SEQ ID NO:68)

**D -- Cur2 1.24.1 light chain protein sequence**

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASSLQ  
SGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPWTFGQGTKVEIK (SEQ  
ID NO:26)



**FIGURE 10**

A -- Cur2 1.25.1 heavy chain nucleotide sequence

GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCGGGAGCAGAGGTGAAAAAGCCCGGGGAGTCT  
CTGAAGATCTCCTGTAAGGGTTCTGGATACAGGTTTACCAGCTACTGGATCGG  
CTGGGTGCGCCAGATGCCCGGGAAAGGCCTGGAGTGGATGGGGATCATCTAT  
CCTGGTGACTCTGATACCAGATACAGCCCGTCCTTCCAAGGCCAGGTCACCA  
TCTCAGCCGACAAGTCCATCAGCACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAA  
GGCCTCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGACATGGATCGTATTATTATG  
GTTCCGGAGACTTATTATAATGTCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTC  
ACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:69)

B -- Cur2 1.25.1 heavy chain protein sequence

EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYRFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGHIYPG  
DSDTRYSPSFQGGVTTISADKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARHGSYYYGSET  
YYNVFDYWGGQGLVTVSS (SEQ ID NO:27)

C -- Cur2 1.25.1 light chain nucleotide sequence

GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAG  
AGTCACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGATTTAGGCTGG  
TATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCA  
GTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGA  
ATTCATCTCACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACT  
GTCTACAGCATAATAGTTACCCGTGGACGTTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGA  
AATCAAAC (SEQ ID NO:70)

D -- Cur2 1.25.1 light chain protein sequence

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASSLQ  
SGVPSRFSGSGSGTEFTLTISLQPEDFATYYCLQHNSYPWTFGQGTKVEIK (SEQ  
ID NO:28)



**FIGURE 11**

A -- Cur2 1.29 heavy chain nucleotide sequence

GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCGGGAGCAGAGGTGAAAAAGCCCCGGGGAGTCT  
CTGAAGATCTCCTGTAAGGGTTCTGGATACAGCTTTACCAGCTACTGGATCGG  
CTGGGTGCGCCAGATGCCCCGGGAAAGGCCTGGAGTGGATGGGGATCATCTAT  
CCTGGTGA CTCTGATACCA GATACAGCCCGTCCTTCCAAGGCCAGGCCACCA  
TCTCAGCCGACAAGTCCATCAGCACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAA  
GGCCTCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGACACGTGGATGTAGGGGCT  
ACGATTGGGGGATATTACTATTACTACCACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAG  
GGACCACGGTCACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:71)

B -- Cur2 1.29 heavy chain protein sequence

EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIHYPG  
DSDTRYSPSFQGQATISADKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARHVDVGATIGG  
YYYYYHGM DVWGQGT TVTVSS (SEQ ID NO:29)

C -- Cur2 1.29 light chain nucleotide sequence

GATATTGTGATGACTCAGTCTCCACTCTCCCTGCCCCGTCACCCCTGGAGAGCC  
GGCCTCCATCTCCTGCAGGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATAGTAATGGATACA  
ACTATTTGGATTGGTACCTGCAGAAGCCAGGGCAGTCTCCACA ACTCCTGATC  
TATTTGGGTTCTAATCGGGCCTCCGGGGTCCCTGACAGGTT CAGTGGCAGTGG  
ATCAGGCACAGATTTTACACTGAAAATCAGCAGAGTGGAGGCTGACGATGTT  
GGGGTTTATTACTGCATGCAAGCTCTACAATCTCTCATGTGCAGTTTTGGCCA  
GGGGACCAAGCTGGAGATCAAAC (SEQ ID NO:72)

D -- Cur2 1.29 light chain protein sequence

DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLHSNGYNYLDWYLQKPGQSPQLLIYLG  
SNRASGV PDRFSGSGSGTDFTLKISRVEADDVGVYYCMQALQSLMCSFGQGTKL  
EIK (SEQ ID NO:30)



**FIGURE 12**

A -- Cur2 1.33 heavy chain nucleotide sequence

CAGGTTTCAGCTGGTGCAGTCGGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAG  
TGAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGTTACACCTTTACCAGCTATGGTATCAGC  
TGGGTGCGACAGGCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATCAGCG  
CTTACAATGGTAACACAACTATGCACAGAAGCTCCAGGGCAGAGTCACCAT  
GACCACAGACACATCCACGAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGGAGCCTGAG  
ATCTGACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATCATTACTATGATAGT  
AGTGATTATCTCTACTACTACTACGGTTTGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCAC  
GGTCACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:73)

B -- Cur2 1.33 heavy chain protein sequence

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYGISWVRQAPGQGLEWMGWISA  
YNGNTNYAQKLQGRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCARDHYDSS  
DYLYYYYGLDVWGQGTITVTVSS (SEQ ID NO:31)

C -- Cur2 1.33 light chain nucleotide sequence

GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAG  
AGTCACCATCACTTGCCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAATTATTTAGCCTGGT  
ATCAGCAGAAACCAGGGAAAGTTCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAC  
TTTGCAATCAGGGGTCCCATCTCGGTTCA GTGGCAGTGGATCTGGGACAGATT  
TCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATGTTGCAACTTATTACTGT  
CAAAAGTATAACAGTGCCCCGCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGA  
TCAAAC (SEQ ID NO:74)

D -- Cur2 1.33 light chain protein sequence

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAWYQQKPGKVPKLLIYAASLTQ  
SGVPSRFSGSGSGTDFTLTISLQPEDVATYYCQKYNAPLTFGGGTKVEIK (SEQ  
ID NO:32)



**FIGURE 13**

A -- Cur2 1.38.1 heavy chain nucleotide sequence

CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCGGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCC  
TGAGACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGGCATGCAC  
TGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAATTATATGGT  
ATGATGGAAATGATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGCTTCACCGT  
CTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGA  
GCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGGATATTACTATGATAGTA  
GTGATTATCTCTACTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCAC  
GGTCACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:75)

B -- Cur2 1.38.1 heavy chain protein sequence

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAIIWY  
DGNDKYYADSVKGRFTVSRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARGYYYDSS  
DYLYYYYGMDVWVGQGTTVTVSS (SEQ ID NO:33)

C -- Cur2 1.38.1 light chain nucleotide sequence

GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAG  
AGTCACCATCACTTGCCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAATTATTTAGCCTGGT  
ATCAGCAGAAACCAGGGAAAGTTCCTAACCTCCTGATCTATGCTGCATCCAC  
TTTGCAATCAGGGGTCCCATCTCGGTTCACTGGCAGTGGATCTGGGACAGATT  
TCTCTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATGTTGCAGCTTATTACTGT  
CAAAAGTGTAACAGTGCCCCGTGGACGTTCCGGCCAAGGGACCACGGTGGAG  
ATCAAAC (SEQ ID NO:76)

D -- Cur2 1.38.1 light chain protein sequence

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAWYQQKPGKVPNLLIYAASLTQ  
SGVPSRFSGSGSGTDFSLTISSLQPEDVAAYYCQKCNSAPWTFGQGTVEIK (SEQ  
ID NO:34)



**FIGURE 14**

A -- Cur2 1.39.1 heavy chain nucleotide sequence

GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCGGGAACAGAGGTGAAAAAGCCCGGGGAGTCT  
CTGAAGATCTCCTGTAAGGGTTCTGGATACAGGTTTACCAGCTACTGGATCGG  
CTGGGTGCGCCAGATGCCCGGGAAAGGCCTGGAGTGGATGGGGATCATCTAT  
CCTGGTGACTCTGATACCAGATACAGCCCGTCCTTCCAAGGCCAGGTCACCA  
TCTCAGCCGACAAGTCCATCAGCACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAA  
GGCCTCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGACATGGATCGTATTACTATA  
ATTCGGGGAGTTATTATAACGTCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTC  
ACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:77)

B -- Cur2 1.39.1 heavy chain protein sequence

EVQLVQSGTEVKKPGESLKISCKGSGYRFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGHIYPG  
DSDTRYSPSFQGGQVTISADKSISTAYLQWSSLKASDTAMYICARHGSYYNNSGS  
YYNVFDYWGGQTLTVSS (SEQ ID NO:35)

C -- Cur2 1.39.1 light chain nucleotide sequence

GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAG  
AGTCACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGATTTAGGCTGG  
TATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCA  
GTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGA  
ATCACTCTCACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACT  
GTCTACAGCATAATAGTTACCCGTGGACGTTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGA  
AATCAAAC (SEQ ID NO:78)

D -- Cur2 1.39.1 light chain protein sequence

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTTICRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASSLQ  
SGVPSRFSGSGSGTEFTLTISLQPEDFATYYCLQHNSYPWTFGQGTKVEIK (SEQ  
ID NO:36)





10041860.001302

ANTIBODIES DIRECTED TO PDGFD AND USES THEREOF

Corvalan et al.

Appl. No.: 10/041,860 Atty Docket: ABGENIX.051A

**FIGURE 15**

A -- Cur2 1.40.1 heavy chain nucleotide sequence

CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCGGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCA  
GTGAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCACTTATGATATCAA  
CTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATGAA  
CCCTAACAGTGGTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACC  
ATGACCAGGAACACCTCCCTAAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGA  
GATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATATTGTAGTGGTGGT  
AGCTGCTACCAACTACTACAACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACG  
GTCACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:79)

B -- Cur2 1.40.1 heavy chain protein sequence

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTTYDINWVRQATGQGLEWMGWM  
NPNSGNTGYAQKFQGRVTMTRNTSLSTAYMELSSLRSEDVAVYYCARDIVVVV  
AATNYNGMDVWGQGTTVTVSS (SEQ ID NO:37)



**FIGURE 16**

A -- Cur2 1.45 heavy chain nucleotide sequence

CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCGGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCA  
GTGAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGTTATGATATCAA  
CTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATGAA  
CCCTAACAGTGGTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACC  
ATGACCAGGAACACCTCCATAAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGA  
GATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGCAGTGGATACAGCTA  
TGGTTACGACTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTC  
ACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:80)

B -- Cur2 1.45 heavy chain protein sequence

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWM  
NPNSGNTGYAQKFQGRVTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDVAVYYCARGSGYSYG  
YDYYYGMDVWGQGTITVTVSS (SEQ ID NO:38)

C -- Cur2 1.45 light chain nucleotide sequence

GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAG  
AGTCACCATCAATTGCCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAATGATTTAGCCTGG  
TATCAGCAGAAACCAGGGAAAGTTCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCA  
CTTTGCAATTAGGGGTCCCATCTCGGTTTCAGTGGCAGTGGATCTGGGACAGAT  
TTCATCTCACCATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATGTTGCAACTTATTACTG  
TCAAAAGTATAACAGTGCCCCATTCACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGAT  
ATCAAAC (SEQ ID NO:81)

D -- Cur2 1.45 light chain protein sequence

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTINCRASQGISNDLAWYQQKPGKVPKLLIYAASLTQ  
LGVPSTRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDVATYYCQKYNAPFTFGPGTKVDIK (SEQ  
ID NO:39)



**FIGURE 17**

A -- Cur2 1.46.1 heavy chain nucleotide sequence

CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCGGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCA  
GTGAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACTCCTTCACCAGTTATGATATCAA  
CTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATGAA  
CCCTAACAATGGTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACC  
ATGACCAGGAACACCTCCATAAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGA  
GATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATATTGTAGTGGTGGT  
AACTGCTACGGACTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACG  
GTCACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:82)

B -- Cur2 1.46.1 heavy chain protein sequence

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYSFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWM  
NPNNGNTGYAQKFQGRVTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDVAVYYCARDIVVVVT  
ATDYYYGMDVWGQGTTVTVSS (SEQ ID NO:40)

C -- Cur2 1.46.1 light chain nucleotide sequence

GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAG  
AGTACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGATTTAGGCTGG  
TATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCGCCTGATTTTGTCTGCATCCA  
GTTTGCCAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGA  
ATTCATCTCACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACT  
GTCTACAGCATAGTGGTTACCCTCCGACGTTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGA  
AATCAAAC (SEQ ID NO:83)

D -- Cur2 1.46.1 light chain protein sequence

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIFAASSLPS  
GVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHSGYPPTFGQGTKVEIK (SEQ ID  
NO:41)



**FIGURE 18**

A -- Cur2 1.48.1 heavy chain nucleotide sequence

CAGGTTTCAGCTGGTGCAGTCGGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAG  
TGAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGTTACACCTTTACCAGCTATGGTATCAGC  
TGGGTGCGACAGGCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATCAGCG  
CTTACAATGGTAACACAACTATGCACAGAAGCTCCAGGGCAGAGTCACCAT  
GACCACAGACACATCCACGAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGGAGCCTGAG  
ATCTGACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATGTTGAATATTACTATG  
ATGGTAGTGGTTATTACTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACC  
GTCTCCTCAG (SEQ ID NO:84)

B -- Cur2 1.48.1 heavy chain protein sequence

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYGISWVRQAPGQGLEWMGWISA  
YNGNTNYAQKLQGRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCARDVEYYD  
GSGYYYFDYWGQGTLVTVSS (SEQ ID NO:42)

C -- Cur2 1.48.1 light chain nucleotide sequence

GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGTGTCTGCATCTGTAGGAGACAG  
AGTCACCATCACTTGTCGGGCGAGTCAGGGTATTAGCAGCTGGTTAGCCTGG  
TATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCA  
TTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGA  
TTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGCCTGAGGATTTTGCATCTTACTATT  
GTCAACAGTCTAACAGTTTCCCTCGGACGTTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGA  
GATCAAAC (SEQ ID NO:85)

D -- Cur2 1.48.1 light chain protein sequence

DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISSWLAWYQQKPGKAPKLLIYAASILQ  
SGVPSRFSGSGSGTDFLTISLQPEDFASYCQQSNSFPRTFGQGKVEIK (SEQ  
ID NO:43)

**FIGURE 19****A -- Cur2 1.49.1 heavy chain nucleotide sequence**

CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCGGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCA  
GTGAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAAGTTATGATATCAA  
CTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATGAA  
CCCTAACAGTGGTGACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACC  
ATGACCAGGAACACCTCCATAAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGA  
GATCTGAGGACACGGCCGTGTATTTCTGTGCGAGAATGAGGGATATAGTGGC  
TACGAGCTATTACTACTTCTACGGTATGGACGCTCTGGGGCCAAGGGACC  
ACGGTCACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:86)

**B -- Cur2 1.49.1 heavy chain protein sequence**

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWM  
NPNSGDTGYAQKFQGRVTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDVAVYFCARMRDIVAT  
SYYYFYGMVWGQGTTVTVSS (SEQ ID NO:44)

**C -- Cur2 1.49.1 light chain nucleotide sequence**

GATATTGTGATGACTCAGTCTCCACTCTCCCTGCCCGTCACCCCTGGAGAGCC  
GGCCTCCATCTCCTGCAGGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATAGTAATGGATACA  
ACTATTTGGATTGGTACCTGCTGAAGCCAGGGCAGTCTCCACAGCTCCTGATC  
TATTTGGGTTCTAGTCGGGCCTCCGGGGTCCCTGACAGGTTCAAGTGGCAGTGG  
ATCAGGCACAGATTTTACACTGAAAATCAGCAGAGTGGAGGCTGAGGATGTT  
GGGGTTTATTACTGCATGCAAACCTACAAACTATCACCTTCGGCCAAGGGA  
CACGACTGGAGATTAAAC (SEQ ID NO:87)

**D -- Cur2 1.49.1 light chain protein sequence**

DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLSNGYNYLDWYLLKPGQSPQLLIYLG  
SSRASGVPRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQTLQTITFGQGRLEIK  
(SEQ ID NO:45)



**FIGURE 20**

**A -- Cur2 1.51 heavy chain nucleotide sequence**

GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCGGGAGCTGAGGTGAAAAAGCCCGGGGAGTCT  
CTGAAGATCTCCTGTAAGGGTTCTGGATACAGCTTTACCAGCTACTGGATCGG  
CTGGGTGCGCCAGATGCCCGGGAAAGGCCTGGAGTGGATGGGGATCATCTAT  
CCTGGTGA CTCTGATGCCAAATACAGCCCGTCCTTCCAAGGCCAGGTCACCA  
TCTCAGCCGACAAGTCCATCAGCACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAA  
GGCCTCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGACACTATGATTACGTTTGA  
GGAATTATCGGTATACAGGGTGGTTCGACCCCTGGGGCCAGGGAACCCTGGT  
CACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:88)

**B -- Cur2 1.51.1 heavy chain protein sequence**

EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIYPG  
DSDAKYSPSFQGVVITISADKSISTAYLQWSSLKASDTAMYCARHYDYVWRNY  
RYTGWFDPWGQGLTVTVSS (SEQ ID NO:46)

**C -- Cur2 1.51.1 light chain nucleotide sequence**

GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAG  
AGCCACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAGCTACTTAGCC  
TGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCAT  
CCAACAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAAGTGGCAGTGGGTCTGGGAC  
AGACTTCACTCTCACCATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATT  
ACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACTATTCACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTG  
GATATCAAAC (SEQ ID NO:89)

**D -- Cur2 1.51.1 light chain protein sequence**

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASNRA  
TGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSLFTFGPGTKVDIK (SEQ  
ID NO:47)

**FIGURE 21**

A -- Cur2 6.4 heavy chain nucleotide sequence

CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAG  
TGAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGTTATGATATCAAC  
TGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATAAAC  
CCTAATAGTGGTAACACAGACTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCA  
TGACCAGGGACACCTCCATAAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAG  
ATCTGAGGACACGGCCATATATTATTGTGTGAGAGGCTTTGGATACAGCTAT  
AATTACGACTACTATTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCA  
CCGTCTCCTCAGT (SEQ ID NO:90)

B -- Cur2 6.4 heavy chain amino acid sequence

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWIN  
PNSGNTDYAQKFQGRVTMTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAIYYCVRGFGYSYNY  
DYYYGMDVWGQGTTVTVSS (SEQ ID NO:48)

C -- Cur2 6.4 light chain nucleotide sequence

GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAG  
AGCCACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGTAGTAGTTACTTAGCCT  
GGTACCAGCAGAAGCCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGCTACATC  
CAGCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAAGTGGCAGTGGGTCTGGGACA  
GACTTCACTCTCACCATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATTA  
CTGTCAGCAGTATGGTAGTTCACCGTGCAGTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTG  
GAAATCAAGC (SEQ ID NO:91)

D -- Cur2 6.4 light chain amino acid sequence

EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYATSSRA  
TGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPCSFQGTKLEIK (SEQ  
ID NO:49)



**FIGURE 22A**

Clone	Germline genes used				No. of Nucleotide/ Amino acid changes						
					FR1	CDR1	FR2	CDR2	FR3	CDR3	FR4
CR2		V	D	J	V					D & J	
1.19.1	VH	V1-8	D3-16	JH6B	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK2	0/0	0/0	0/0	0/0	1/1	1/1	0/0
6.4.1	VH	V1-8	D5-18	JH6B	0/0	0/0	0/0	3/2	5/3	0/0	0/0
	VK	A27		JK2	0/0	3/0	1/0	2/2	0/0	1/0	0/0
1.18	VH	V1-8	D6-19	JH6B	1/0	0/0	0/0	1/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK3	0/0	0/0	0/0	0/0	1/1	0/0	0/0
1.40.1	VH	V1-8	D2	JH6B	1/0	1/1	0/0	0/0	1/1	0/0	0/0
	VK	mix									
1.45	VH	V1-8	DK4	JH6B	1/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A20		JK3	1/1	1/1	0/0	1/1	0/0	0/0	0/0
1.46.1	VH	V1-8	D2	JH6B	1/0	1/1	0/0	0/0	1/1	0/0	0/0
	VK	A30		JK1	0/0	0/0	2/1	1/1	0/0	2/2	0/0
1.49.1	VH	V1-8	D5-12	JH6B	1/0	0/0	0/0	1/1	1/1	0/0	0/0
	VK	A19		JK5	0/0	0/0	1/1	1/1	0/0	1/1	0/0
1.33	VH	V1-18	D21-9	JH6B	1/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A20		JK4	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
1.48.1	VH	V1-18	D21-9	JH4B	1/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	L5		JK1	0/0	0/0	0/0	1/1	2/1	1/1	0/0
1.6.1	VH	V3-21	D3-16	JH4B	0/0	4/4	0/0	1/1	1/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK4	0/0	0/0	1/1	0/0	0/0	0/0	0/0
1.17.1	VH	V3-33	D5-18	JH6B	2/1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK4	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
1.24.1	VH	V3-33	D5-18	JH6B	0/0	2/1	0/0	1/1	0/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK1	0/0	0/0	0/0	0/0	1/0	0/0	0/0
1.38.1	VH	V3-33	D21-9	JH6B	1/0	0/0	0/0	3/3	2/1	0/0	0/0
	VK	A20		JK1	0/0	0/0	1/1	0/0	2/2	1/1	0/0
1.11.1	VH	V3-53	D4-17	JH6B	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A19		JK4	0/0	1/1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
1.23.1	VH	V5-51	D3-10	JH4B	1/1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK1	0/0	0/0	1/1	1/1	0/0	0/0	0/0
1.25.1	VH	V5-51	D3-10	JH4B	1/0	1/1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
1.29	VH	V5-51	D5-12	JH6B	1/0	0/0	0/0	0/0	1/1	0/0	0/0
	VK	A19		JK2	0/0	0/0	1/0	0/0	1/1	0/0	0/0
1.39.1	VH	V5-51	D3-10	JH4B	2/1	1/1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
1.51.1	VH	5-51	D3-16	JH5B	2/0	0/0	0/0	1/1	1/1	0/0	0/0
	VK	A27		JK3	0/0	0/0	0/0	1/1	0/0	0/0	0/0





**FIGURE 22B**

Clone	Germline genes used				No. of Nucleotide/ Amino acid changes						
					FR1	CDR1	FR2	CDR2	FR3	CDR3	FR4
CR2		V	D	J	V					D & J	
1.40.1	VH	V1-8	D2	JH6B	1/0	1/1	0/0	0/0	1/1	0/0	0/0
	VK	mix									
1.48.1	VH	V1-18	D21-9	JH4B	1/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	L5		JK1	0/0	0/0	0/0	1/1	2/1	1/1	0/0
1.49.1	VH	V1-8	D5-12	JH6B	1/0	0/0	0/0	1/1	1/1	0/0	0/0
	VK	A19		JK5	0/0	0/0	1/1	1/1	0/0	1/1	0/0
1.11.1	VH	V3-53	D4-17	JH6B	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A19		JK4	0/0	1/1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
1.29	VH	V5-51	D5-12	JH6B	1/0	0/0	0/0	0/0	1/1	0/0	0/0
	VK	A19		JK2	0/0	0/0	1/0	0/0	1/1	0/0	0/0
1.45	VH	V1-8	DK4	JH6B	1/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A20		JK3	1/1	1/1	0/0	1/1	0/0	0/0	0/0
1.33	VH	V1-18	D21-9	JH6B	1/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A20		JK4	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
1.38.1	VH	V3-33	D21-9	JH6B	1/0	0/0	0/0	3/3	2/1	0/0	0/0
	VK	A20		JK1	0/0	0/0	1/1	0/0	2/2	1/1	0/0
6.4.1	VH	V1-8	D5-18	JH6B	0/0	0/0	0/0	3/2	5/3	0/0	0/0
	VK	A27		JK2	0/0	3/0	1/0	2/2	0/0	1/0	0/0
1.51.1	VH	5-51	D3-16	JH5B	2/0	0/0	0/0	1/1	1/1	0/0	0/0
	VK	A27		JK3	0/0	0/0	0/0	1/1	0/0	0/0	0/0
1.19.1	VH	V1-8	D3-16	JH6B	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK2	0/0	0/0	0/0	0/0	1/1	1/1	0/0
1.18	VH	V1-8	D6-19	JH6B	1/0	0/0	0/0	1/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK3	0/0	0/0	0/0	0/0	1/1	0/0	0/0
1.6.1	VH	V3-21	D3-16	JH4B	0/0	4/4	0/0	1/1	1/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK4	0/0	0/0	1/1	0/0	0/0	0/0	0/0
1.23.1	VH	V5-51	D3-10	JH4B	1/1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK1	0/0	0/0	1/1	1/1	0/0	0/0	0/0
1.25.1	VH	V5-51	D3-10	JH4B	1/0	1/1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
1.39.1	VH	V5-51	D3-10	JH4B	2/1	1/1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
1.17.1	VH	V3-33	D5-18	JH6B	2/1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK4	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
1.24.1	VH	V3-33	D5-18	JH6B	0/0	2/1	0/0	1/1	0/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK1	0/0	0/0	0/0	0/0	1/0	0/0	0/0
1.46.1	VH	V1-8	D2	JH6B	1/0	1/1	0/0	0/0	1/1	0/0	0/0
	VK	A30		JK1	0/0	0/0	2/1	1/1	0/0	2/2	0/0



**FIGURE 23**

**Figure 23A**

							Section 1
	(1)	1	10	20	30	40	51
CUR2-1.6.1_HC	(1)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTNFRSYNMNVVROAPGKGLEWVSSI					
VH3-21	(1)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSYSNMNVVROAPGKGLEWVSSI					
Consensus	(1)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGF F SY MNVVRQAPGKGLEWVSSI					
							Section 2
	(52)	52	60	70	80	90	102
CUR2-1.6.1_HC	(52)	SSSSSNTLYADSVKGRFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDIMI					
VH3-21	(52)	SSSSSYIYADSVKGRFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR----					
Consensus	(52)	SSSSS IYYADSVKGRFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR					
							Section 3
	(103)	103	110	126			
CUR2-1.6.1_HC	(103)	TFGGIIASFYFDYWGQGTIVTVSS					
VH3-21	(99)	-----					
Consensus	(103)						

**Figure 23B**

						Section 1
	(1)	1	10	20	30	40 51
CUR2-1.6.1_LC	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIKNDLGWQQKPGKAPKRLIYAA				
A30	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIKNDLGWQQKPGKAPKRLIYAA				
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIKNDLGWQQKPGKAPKRLIYAA				
						Section 2
	(52)	52	60	70	80	90 102
CUR2-1.6.1_LC	(52)	SSLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDPATYYCLQHNNSYPLTPGGGT				
A30	(52)	SSLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDPATYYCLQHNNSYP-----				
Consensus	(52)	SSLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDPATYYCLQHNNSYP				
						Section 3
	(103)	103	107			
CUR2-1.6.1_LC	(103)	KVEIK				
A30	(96)	-----				
Consensus	(103)					



**FIGURE 24**

**Figure 24A**

								Section 1
	(1)	1	10	20	30	40	51	
Cur2-1.11.1_HC	(1)	EVQLVESGGGLIQPGGSLRLSCAASGFTVSSNYMSWVRQAPGKGLEWVSVI						
VH3-53	(1)	EVQLVESGGGLIQPGGSLRLSCAASGFTVSSNYMSWVRQAPGKGLEWVSVI						
Consensus	(1)	EVQLVESGGGLIQPGGSLRLSCAASGFTVSSNYMSWVRQAPGKGLEWVSVI						
								Section 2
	(52)	52	60	70	80	90	102	
Cur2-1.11.1_HC	(52)	YSGGSTYYADSVKGRFTISRDN SKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAGTVTTN						
VH3-53	(52)	YSGGSTYYADSVKGRFTISRDN SKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR-----						
Consensus	(52)	YSGGSTYYADSVKGRFTISRDN SKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCA						
								Section 3
	(103)	103	110	120				
Cur2-1.11.1_HC	(103)	YYYGMDVWGQGTITVTVSS						
VH3-53	(98)	-----						
Consensus	(103)							

**Figure 24B**

										Section 1
	(1)	1	10	20	30	40	51			
CUR2-1.11.1_LC	(1)	DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQBLQBNGYNYLDWYLQKPGQSPQL								
A19	(1)	DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLHSGNGYNYLDWYLQKPGQSPQL								
Consensus	(1)	DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLSNGYNYLDWYLQKPGQSPQL								
										Section 2
	(52)	52	60	70	80	90	102			
CUR2-1.11.1_LC	(52)	LIYLGSNRASGVPRDFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQALQTLTP								
A19	(52)	LIYLGSNRASGVPRDFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQALQTP--								
Consensus	(52)	LIYLGSNRASGVPRDFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQALQT								
										Section 3
	(103)	103	111							
CUR2-1.11.1_LC	(103)	GGGTRVEIK								
A19	(101)	-----								
Consensus	(103)									

**FIGURE 25****Figure 25A**

							Section 1
	(1)	1	10	20	30	40	51
CR2-1.17.1_HC	(1)	QVQLVESGGGVVQPG <b>S</b> LRISCAASGFTFSSYGMHWVROAPGKGLEWVAVI					
VH3-33	(1)	QVQLVESGGGVVQPG <b>S</b> LRISCAASGFTFSSYGMHWVROAPGKGLEWVAVI					
Consensus	(1)	QVQLVESGGGVVQPGKSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVROAPGKGLEWVAVI					
							Section 2
	(52)	52	60	70	80	90	102
CR2-1.17.1_HC	(52)	WYDGSNKYYADSVKGRFTISRDN <b>S</b> KNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDQGY					
VH3-33	(52)	WYDGSNKYYADSVKGRFTISRDN <b>S</b> KNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR----					
Consensus	(52)	WYDGSNKYYADSVKGRFTISRDN <b>S</b> KNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR					
							Section 3
	(103)	103	110	126			
CR2-1.17.1_HC	(103)	RYAGYYYDYGMDVWGQGT <b>T</b> TVT <b>S</b> S					
VH3-33	(99)	-----					
Consensus	(103)						

**Figure 25B**

						Section 1
	(1)	1	10	20	30	40 52
CR2-1.17.1_LC	(1)	DIQMTQSPSSSLASVGDRTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAAS				
A30	(1)	DIQMTQSPSSSLASVGDRTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAAS				
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSSLASVGDRTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAAS				
						Section 2
	(53)	53	60	70	80	90 104
CR2-1.17.1_LC	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDPATYYCLQHNISYPLTFGGGTRV				
A30	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDPATYYCLQHNISYF-----				
Consensus	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDPATYYCLQHNISYF				
						Section 3
	(105)	105				
CR2-1.17.1_LC	(105)	EIK				
A30	(96)	---				
Consensus	(105)					

**FIGURE 26****Figure 26A**

--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

**Figure 26B**

--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

**FIGURE 27****Figure 27A**

						Section 1
	(1)	1	10	20	30	40 52
Cur2-1.19.1_hc	(1)	QVQLVQSGAEVKKRPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGMN				
VH1-8	(1)	QVQLVQSGAEVKKRPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGMN				
Consensus	(1)	QVQLVQSGAEVKKRPGASVKVSCKASGYTPTSYDINWVRQATGQGLEWMGMN				
						Section 2
	(53)	53	60	70	80	90 104
Cur2-1.19.1_hc	(53)	PNSGNTGYAQKFQGRVTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDVAVYYCARDVMTF				
VH1-8	(53)	PNSGNTGYAQKFQGRVTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDVAVYCAR-----				
Consensus	(53)	PNSGNTGYAQKFQGRVTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDVAVYCAR				
						Section 3
	(105)	105	110	126		
Cur2-1.19.1_hc	(105)	GGVIVHYGMDVWGQGTITVTVSS				
VH1-8	(99)	-----				
Consensus	(105)					

**Figure 27B**

						Section 1
	(1)	1	10	20	30	40 52
Cur2-1.19.1_lc	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIKNDLGWYQORPKGRAPRRITIAAS				
A30	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIKNDLGWYQORPKGRAPRRITIAAS				
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIKNDLGWYQORPKGRAPRRITIAAS				
						Section 2
	(53)	53	60	70	80	90 104
Cur2-1.19.1_lc	(53)	SLQSGVPSRPSGSGSGTFTLTISSLQPEDPATYYCLOHNSDPCSPGQGTKL				
A30	(53)	SLQSGVPSRPSGSGSGTFTLTISSLQPEDPATYYCLOHNSYF-----				
Consensus	(53)	SLQSGVPSRPSGSGSGTFTLTISSLQPEDPATYYCLOHNS P				
						Section 3
	(105)	1067				
Cur2-1.19.1_lc	(105)	EIR				
A30	(96)	---				
Consensus	(105)					



10041560.001302

ANTIBODIES DIRECTED TO PDGFD AND USES THEREOF

Corvalan et al.

Appl. No.: 10/041,860 Atty Docket: ABGENIX.051A

**FIGURE 28****Figure 28A**

							Section 1
	(1)	1	10	20	30	40	51
Cur2-1.23.1_HC	(1)	EVQLVQSGAEVVRKPEGSILKISCEGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWNGII					
VH5-51	(1)	EVQLVQSGAEVVRKPEGSILKISCEGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWNGII					
Consensus	(1)	EVQLVQSGAEVVRKPEGSILKISC GSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWNGII					
							Section 2
	(52)	52	60	70	80	90	102
Cur2-1.23.1_HC	(52)	YPGDSDTTRYSPFQSGQVTISADKSIISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARHVS					
VH5-51	(52)	YPGDSDTTRYSPFQSGQVTISADKSIISTAYLQWSSLKASDTAMYYCAR----					
Consensus	(52)	YPGDSDTTRYSPFQSGQVTISADKSIISTAYLQWSSLKASDTAMYYCAR					
							Section 3
	(103)	103	110	126			
Cur2-1.23.1_HC	(103)	YYVSGSYNVFDYWGQGLTVTVSS					
VH5-51	(99)	-----					
Consensus	(103)						

**Figure 28B**

							Section 1		
	(1)	1	10	20	30	40	51		
Cur2-1.23.1_LC	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGD						RVTITCRASQGI	RNDLGWYQQIFGKAPKRLIYAA
A30	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGD						RVTITCRASQGI	RNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAA
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGD						RVTITCRASQGI	RNDLGWYQQ PGKAPKRLIYAA
							Section 2		
	(52)	52	60	70	80	90	102		
Cur2-1.23.1_LC	(52)	SSLQRGVPSRFSGSGSGTEFTLT						TISSSLQPEDPATYYCLOHNSYPWTFGQGT	
A30	(52)	SSLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLT						TISSSLQPEDPATYYCLOHNSYP-----	
Consensus	(52)	SSLQ GVPSPRFSGSGSGTEFTLT						TISSSLQPEDPATYYCLOHNSYP	
							Section 3		
	(103)	103	107						
Cur2-1.23.1_LC	(103)	KVEIK							
A30	(96)	-----							
Consensus	(103)								

**FIGURE 29****Figure 29A**

								Section 1
	(1)	1	10	20	30	40	51	
CR2-1.24.1_HC	(1)	QVQLVESGGGVVQPGRSRLISCAASGFPSSSYGMHWVRQAPGKGLEWVADI						
VH3-33	(1)	QVQLVESGGGVVQPGRSRLISCAASGFPSSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAVI						
Consensus	(1)	QVQLVESGGGVVQPGRSRLISCAASGFPSSSYGMHWVRQAPGKGLEWVA I						
								Section 2
	(52)	52	60	70	80	90	102	
CR2-1.24.1_HC	(52)	WYDGSNKYYADSVKGRFTISRDNBKNLTLYQMNSLRAEDTAVVYCARDQGY						
VH3-33	(52)	WYDGSNKYYADSVKGRFTISRDNBKNLTLYQMNSLRAEDTAVVYCAR----						
Consensus	(52)	WYDGSNKYYADSVKGRFTISRDNBKNLTLYQMNSLRAEDTAVVYCAR						
								Section 3
	(103)	103	110	126				
CR2-1.24.1_HC	(103)	SYGYVYYDYGMDVMGQGTTVTVSS						
VH3-33	(99)	-----						
Consensus	(103)							

**Figure 29B**

							Section 1
	(1)	1	10	20	30	40	52
CR2-1.24.1_LC	(1)	DIQMTQSPSESTASVGDRTVITCRASQGIKNDLGWYQKPKGKAPKRLIYAAS					
A30	(1)	DIQMTQSPSSSLASVGDRTVITCRASQGIKNDLGWYQKPKGKAPKRLIYAAS					
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSSLASVGDRTVITCRASQGIKNDLGWYQKPKGKAPKRLIYAAS					
							Section 2
	(53)	53	60	70	80	90	104
CR2-1.24.1_LC	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLOHNSYPWTFGQGTKV					
A30	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLOHNSYP-----					
Consensus	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLOHNSYP					
							Section 3
	(105)	1067					
CR2-1.24.1_LC	(105)	EIK					
A30	(96)	---					
Consensus	(105)						





**FIGURE 30**

**Figure 30A**

								Section 1
	(1)	1	10	20	30	40	51	
VH5-51	(1)	EVQLVQSGAEVRRRPGESLKISCKGSGYSPTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGII						
CR2-1.25.1_HC	(1)	EVQLVQSGAEVKKRPGESLKISCKGSGYRPTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIT						
Consensus	(1)	EVQLVQSGAEVKKRPGESLKISCKGSGY FTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGII						
								Section 2
	(52)	52	60	70	80	90	102	
VH5-51	(52)	YFGDS DTRYSPSFQGVTTISADKSI STAYLQWSSLKASDTAMYYCAR----						
CR2-1.25.1_HC	(52)	YFGDS DTRYSPSFQGVTTISADKSI STAYLQWSSLKASDTAMYYCARHGSY						
Consensus	(52)	YFGDS DTRYSPSFQGVTTISADKSI STAYLQWSSLKASDTAMYYCAR						
								Section 3
	(103)	103	110	126				
VH5-51	(99)	-----						
CR2-1.25.1_HC	(103)	YYGSETYYNVFDYWGQGLTVTS						
Consensus	(103)							

**Figure 30B**

							Section 1
	(1)	1	10	20	30	40	52
A30	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGI RNDLGWYQOKPGKAPKRLIYAAS					
CR2-1.25.1_LC	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGI RNDLGWYQOKPGKAPKRLIYAAS					
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGI RNDLGWYQOKPGKAPKRLIYAAS					
							Section 2
	(53)	53	60	70	80	90	104
A30	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTIS SLQPEDFATYYCLOHNSYP-----					
CR2-1.25.1_LC	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTIS SLQPEDFATYYCLOHNSYFWTFGQGTKV					
Consensus	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTIS SLQPEDFATYYCLOHNSYP					
							Section 3
	(105)	1067					
A30	(96)	---					
CR2-1.25.1_LC	(105)	EIK					
Consensus	(105)						



10041860.021302

ANTIBODIES DIRECTED TO PDGFD AND USES THEREOF

Corvalan et al.

Appl. No.: 10/041,860 Atty Docket: ABGENIX.051A

**FIGURE 31****Figure 31A**

						Section 1
	(1)	1	10	20	30	40 52
VH5-51	(1)	EVQLVQSGAEVKKRPGESLKISCKGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLWMMGIIT				
CR2-1.29_HC	(1)	EVQLVQSGAEVKKRPGESLKISCKGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLWMMGIIT				
Consensus	(1)	EVQLVQSGAEVKKRPGESLKISCKGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLWMMGIIT				
						Section 2
	(53)	53	60	70	80	90 104
VH5-51	(53)	PGDS DTRYSPSFQGGVTISADKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCAR-----				
CR2-1.29_HC	(53)	PGDS DTRYSPSFQGGATISADKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARHVDVGA				
Consensus	(53)	PGDS DTRYSPSFQGG TISADKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCAR				
						Section 3
	(105)	105	110	129		
VH5-51	(99)	-----				
CR2-1.29_HC	(105)	TIGGYYYYYHGM DVWGQGT TVTVSS				
Consensus	(105)					

**Figure 31B**

										Section 1	
	(1)	1	10	20	30	40	53				
A19	(1)	DIVMTQSPLSLPVTPEGPASISCRSSQSLHSHNGYNYLDWYLQKPGQSPQLLI									
CR2-1.29_LC	(1)	DIVMTQSPLSLPVTPEGPASISCRSSQSLHSHNGYNYLDWYLQKPGQSPQLLI									
Consensus	(1)	DIVMTQSPLSLPVTPEGPASISCRSSQSLHSHNGYNYLDWYLQKPGQSPQLLI									
<hr/>											
										Section 2	
	(54)	54	60	70	80	90	106				
A19	(54)	YLGSNRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEA DVG VYYCMQALQ P-----									
CR2-1.29_LC	(54)	YLGSNRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEA DVG VYYCMQALQ LMCSPGQ									
Consensus	(54)	YLGSNRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEADDVG VYYCMQALQS									
<hr/>											
										Section 3	
	(107)	107	113								
A19	(101)	-----									
CR2-1.29_LC	(107)	GTKLEIK									
Consensus	(107)										

**FIGURE 32****Figure 32A**

Section 1						
	(1)	10	20	30	40	52
VH1-18	(1)	QVQLVQSGAEVRRPGASVKRVSCFASGYTFRTSYGTEHWVRQAPGGGLENNMGWIS				
CR2-1.33_HC	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFRTSYGISWVRQAPGGGLENNMGWIS				
Consensus	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKRVSCFASGYTFRTSYGTEHWVRQAPGGGLENNMGWIS				
Section 2						
	(53)	60	70	80	90	104
VH1-18	(53)	AYNGNTNYACKLQGRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCAR-----				
CR2-1.33_HC	(53)	AYNGNTNYACKLQGRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCARDHYIDS				
Consensus	(53)	AYNGNTNYAQLQGRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCAR				
Section 3						
	(105)	105	110	127		
VH1-18	(99)	-----				
CR2-1.33_HC	(105)	SDYLYYYYGLDVWGQGTTVTVSS				
Consensus	(105)					

**Figure 32B**

Section 1							
	(1)	10	20	30	40	53	
A20	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAWYQKPKGVKLLIYAASE					
CR2-1.33_LC	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAWYQKPKGVKLLIYAAST					
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAWYQKPKGVKLLIYAAST					
Section 2							
	(54)	54	60	70	80	90	106
A20	(54)	LQSGVPSPRFSGSGSGTDFTLTITISSLQPEDVATYYCQKYNAP-----					
CR2-1.33_LC	(54)	LQSGVPSPRFSGSGSGTDFTLTITISSLQPEDVATYYCQKYNAPRLTPGGGTRVEI					
Consensus	(54)	LQSGVPSPRFSGSGSGTDFTLTITISSLQPEDVATYYCQKYNAP					
Section 3							
	(107)	107					
A20	(96)	-					
CR2-1.33_LC	(107)	K					
Consensus	(107)						



**FIGURE 33**

**Figure 33A**

										Section 1			
	(1)	1	10	20	30	40	51						
VH3-33	(1)	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVROAPGKGLEWVAII											
CR2-1.38.1_HC	(1)	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVROAPGKGLEWVAII											
Consensus	(1)	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVROAPGKGLEWVAII											
												Section 2	
	(52)	52	60	70	80	90	102						
VH3-33	(52)	WYDGSNRYADSVKGRFTSRDNSKNTLYLQMNSLRADTAIVYYCAR----											
CR2-1.38.1_HC	(52)	WYDGSNRYADSVKGRFTSRDNSKNTLYLQMNSLRADTAIVYYCARGYYY											
Consensus	(52)	WYDG KYADSVKGRFTISRDNKNTLYLQMNSLRADTAIVYYCAR											
												Section 3	
	(103)	103	110	127									
VH3-33	(99)	-----											
CR2-1.38.1_HC	(103)	DSSDYLYYYYGMDVWGQGTITVTVSS											
Consensus	(103)												

**Figure 33B**

		Section 1					
	(1)	1	10	20	30	40	52
A20	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAWYQQKPGKVPKLLIYAAS					
CR2-1.38.1_LC	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAWYQQKPGKVENLLIYAAS					
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAWYQQKPGKVP LLIYAAS					
		Section 2					
	(53)	53	60	70	80	90	104
A20	(53)	TLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDVATYYCQKNSAP-----					
CR2-1.38.1_LC	(53)	TLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDVAAYYCQKCNAPFTFGQGTTV					
Consensus	(53)	TLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDVA YYCQK NSAP					
		Section 3					
	(105)	1087					
A20	(96)	---					
CR2-1.38.1_LC	(105)	EIK					
Consensus	(105)						



10041860.051302

ANTIB DIRECTED TO PDGFD AND USES THEREOF  
Corvalan et al.  
Appl. No.: 10/041,860 Atty Docket: ABGENIX.051A

**FIGURE 34****Figure 34A**

								Section 1	
	(1)	1	10	20	30	40	51		
VH5-51	(1)	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYSPTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGII							
CR2-1.39.1_HC	(1)	EVQLVQSGTEVKKPGESLKISCKGSGYRFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGII							
Consensus	(1)	EVQLVQSG EVKKPGESLKISCKGSGY FTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGII							
								Section 2	
	(52)	52	60	70	80	90	102		
VH5-51	(52)	YFGDS DTRYSPSFQGGV TISADKSI STAYLQWSSLKASDTAMYYCAR----							
CR2-1.39.1_HC	(52)	YFGDS DTRYSPSFQGGV TISADKSI STAYLQWSSLKASDTAMYYCARHGSY							
Consensus	(52)	YFGDS DTRYSPSFQGGV TISADKSI STAYLQWSSLKASDTAMYYCAR							
								Section 3	
	(103)	103	110	126					
VH5-51	(99)	-----							
CR2-1.39.1_HC	(103)	YYN8SGSYYNVPDYWGQGT LVTVSS							
Consensus (103)									

**Figure 34B**

										Section 1
	(1)	1	10	20	30	40	52			
A30	(1)	DIQMTQSPSSISASVGDRVITTCRASQGIRNDLGWYQKPGKAPKRLIYAAS								
CR2-1.39.1_LC	(1)	DIQMTQSPSSISASVGDRVITTCRASQGIRNDLGWYQKPGKAPKRLIYAAS								
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSISASVGDRVITTCRASQGIRNDLGWYQKPGKAPKRLIYAAS								
										Section 2
	(53)	53	60	70	80	90	104			
A30	(53)	SLQSGVPSRPSGSGSGTEFTLTISSLQPEDPATYYCLQHNSSYP-----								
CR2-1.39.1_LC	(53)	SLQSGVPSRPSGSGSGTEFTLTISSLQPEDPATYYCLQHNSSYPWTFPGQGTKV								
Consensus	(53)	SLQSGVPSRPSGSGSGTEFTLTISSLQPEDPATYYCLQHNSSYP								
										Section 3
	(105)	1087								
A30	(96)	---								
CR2-1.39.1_LC	(105)	EIK								
Consensus	(105)									



**FIGURE 35**

**Figure 35A**

								Section 1	
	(1)	1	10	20	30	40	52		
VH1-8	(1)	QVQLVQSGAEVKRPGA3VKVSCRASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWMN							
CR2-1.45_HC	(1)	QVQLVQSGAEVKRPGA3VKVSCRASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWMN							
Consensus	(1)	QVQLVQSGAEVKRPGA3VKVSCRASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWMN							
								Section 2	
	(53)	53	60	70	80	90	104		
VH1-8	(53)	PNSGNTGYAQKFGGRVTMTNTSISTAYMELSSLRSEDATVYYCAR-----							
CR2-1.45_HC	(53)	PNSGNTGYAQKFGGRVTMTNTSISTAYMELSSLRSEDATVYYCARGSGYSY							
Consensus	(53)	PNSGNTGYAQKFGGRVTMTNTSISTAYMELSSLRSEDATVYYCAR							
								Section 3	
	(105)	105	110	125					
VH1-8	(99)	-----							
CR2-1.45_HC	(105)	GYDYYYGMDVWGQGTTVTVSS							
Consensus	(105)								

**Figure 35B**

										Section 1		
	(1)	1	10	20	30	40	53					
A20	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASQGISNYLAWYQKPKGVKPLLIYAAS										
CR2-1.45_LC	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGRVTINCRASQGISNDLAWYQKPKGVKPLLIYAAS										
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGRVTI CRASQGISN LAWYQKPKGVKPLLIYAAS										
										Section 2		
	(54)	54	60	70	80	90	106					
A20	(54)	LQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDVATYYCQKYNAP-----										
CR2-1.45_LC	(54)	LQLGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDVATYYCQKYNAPFTFGPGTKVDI										
Consensus	(54)	LQ GVPSPRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDVATYYCQKYNAP										
										Section 3		
	(107)	107										
A20	(96)											
CR2-1.45_LC	(107)	K										
Consensus	(107)											



**FIGURE 36**

**Figure 36A**

							Section 1
	(1)	1	10	20	30	40	51
VH1-8	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYFTSYDINWVROATGQGLEWMGWM					
CR2-1.46.1_HC	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYFTSYDINWVROATGQGLEWMGWM					
Consensus	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYFTSYDINWVROATGQGLEWMGWM					
<hr/>							Section 2
	(52)	52	60	70	80	90	102
VH1-8	(52)	NENSGNTGYAQKFGQGRVTMTNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCAR----					
CR2-1.46.1_HC	(52)	NENNGNTGYAQKFGQGRVTMTNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARDIVV					
Consensus	(52)	NPN GNTGYAQKFGQGRVTMTNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCAR					
<hr/>							Section 3
	(103)	103	110	126			
VH1-8	(99)	-----					
CR2-1.46.1_HC	(103)	VVTATDYYYGMDVWGQGTTVTVSS					
Consensus	(103)						

**Figure 36B**

							Section 1
	(1)	1	10	20	30	40	52
A30	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIKNDLGWYQQKPGKAPKRLIT AAS					
CR2-1.46.1_LC	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIKNDLGWYQQKPGKAPKRLIT AAS					
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIKNDLGWYQQKPGKAPKRLIT AAS					
							Section 2
	(53)	53	60	70	80	90	104
A30	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLOHNSYP-----					
CR2-1.46.1_LC	(53)	SLPFGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLOHSGYPPTFGQGTKV					
Consensus	(53)	SL SGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLOH YP					
							Section 3
	(105)	1067					
A30	(96)	---					
CR2-1.46.1_LC	(105)	EIK					
Consensus	(105)						

**FIGURE 37****Figure 37A**

Section 1						
	(1)	1	10	20	30 40 51	
CR2-1.48.1_HC	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYGISWVROAPGGGLEWMGWI				
VH1-18	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYGISWVROAPGGGLEWMGWI				
Consensus	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYGISWVROAPGGGLEWMGWI				
Section 2						
	(52)	52	60	70	80 90 102	
CR2-1.48.1_HC	(52)	SAYNGNTNYAQR LQGRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCARDVEY				
VH1-18	(52)	SAYNGNTNYAQR LQGRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCAR----				
Consensus	(52)	SAYNGNTNYAQR LQGRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCAR				
Section 3						
	(103)	103	110	125		
CR2-1.48.1_HC	(103)	YYDGSGLYYFDYWGQGLTVTVSS				
VH1-18	(99)	-----				
Consensus	(103)					

**Figure 37B**

Section 1						
	(1)	1	10	20	30 40 52	
CR2-1.48.1_LC	(1)	DIQMTQSPSSVSASVGDRTITTCRASQGISWLAHWYQQKPKAPKLLIYAAS				
L5	(1)	DIQMTQSPSSVSASVGDRTITTCRASQGISWLAHWYQQKPKAPKLLIYAAS				
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSVSASVGDRTITTCRASQGISWLAHWYQQKPKAPKLLIYAAS				
Section 2						
	(53)	53	60	70	80 90 104	
CR2-1.48.1_LC	(53)	ILQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFAFYCCQNSFPRTFGQGTKV				
L5	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFAFYCCQNSFP-----				
Consensus	(53)	LQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFASYCCQANSFP				
Section 3						
	(105)	1057				
CR2-1.48.1_LC	(105)	EIK				
L5	(96)	---				
Consensus	(105)					



**FIGURE 38****Figure 38A**

		Section 1						
		(1)	1	10	20	30	40	51
CR2-1.49.1 HC	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVROATGQGLEWMHGWM						
VH1-8	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVROATGQGLEWMHGWM						
Consensus	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVROATGQGLEWMHGWM						
		Section 2						
		(52)	52	60	70	80	90	102
CR2-1.49.1 HC	(52)	NPNSGDTGYAQKFGQGRVTMTNTSISTAYMELSSLRSEDVAVYICARMRDI						
VH1-8	(52)	NPNSGNTGYAQKFGQGRVTMTNTSISTAYMELSSLRSEDVAVYICAR----						
Consensus	(52)	NPNSG TGYAQKFGQGRVTMTNTSISTAYMELSSLRSEDVAVYFCAR						
		Section 3						
		(103)	103	110	127			
CR2-1.49.1 HC	(103)	VATSYYYFYFGMDVWGQTTVTVSS						
VH1-8	(99)	-----						
Consensus	(103)							

**Figure 38B**

										Section 1	
		(1)	1	10	20	30	40	52			
CR2-1.49.1	LC	(1)	DIVMTQSPILSLPVTGPEPASISCRSSQSLLHNSGYNLYLDWYLLKPGQSPQLL								
	A19	(1)	DIVMTQSPILSLPVTGPEPASISCRSSQSLLHNSGYNLYLDWYLLKPGQSPQLL								
	Consensus	(1)	DIVMTQSPILSLPVTGPEPASISCRSSQSLLHNSGYNLYLDWYLLKPGQSPQLL								
										Section 2	
		(53)	53	60	70	80	90	104			
CR2-1.49.1	LC	(53)	IYLGSSRASGVDPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVVYCHMQLTITPFGQ								
	A19	(53)	IYLGSNRASGVDPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVVYCHMQLQTP----								
	Consensus	(53)	IYLGSRASGVDPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVVYCHMQLTITPFGQ								
										Section 3	
		(105)	105	111							
CR2-1.49.1	LC	(105)	GTRLEIR								
	A19	(101)	-----								
	Consensus	(105)									



10041860.091302

## ANTIBODIES DIRECTED TO PDGFD AND USES THEREOF

Corvalan et al.

Appl. No.: 10/041,860 Atty Docket: ABGENIX.051A

**FIGURE 39****Figure 39A**

							Section 1
	(1)	1	10	20	30	40	51
CR2-1.51.1 HC	(1)	EVQLVQSGAEVKKRPGESLKISCRGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGII					
VH5-51	(1)	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCRGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGII					
Consensus	(1)	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCRGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGII					
							Section 2
	(52)	52	60	70	80	90	102
CR2-1.51.1 HC	(52)	YFGDSDA YSPSFQGGVTSADKSI8TAYLQWSSLKASDTAMYYCARHYDY					
VH5-51	(52)	YFGDSDT YSPSFQGGVTSADKSI8TAYLQWSSLKASDTAMYYCAR----					
Consensus	(52)	YFGDSD KYSPSFQGGVTSADKSI8TAYLQWSSLKASDTAMYYCAR					
							Section 3
	(103)	103	110	126			
CR2-1.51.1 HC	(103)	VWRNYRYTGWFDPMGQGTIVTVSS					
VH5-51	(99)	-----					
Consensus	(103)						

**Figure 39B**

						Section 1
	(1)	1	10	20	30	40 52
CR2-1.51.1 LC	(1)	EIVLTQSPGTL <del>SLSPGERATL</del> SCRASQSUS8SYLAWYQQKPGQAPRLIIYGA				
A27	(1)	EIVLTQSPGTL <del>SLSPGERATL</del> SCRASQSUS8SYLAWYQQKPGQAPRLIIYGA				
Consensus	(1)	EIVLTQSPGTL <del>SLSPGERATL</del> SCRASQSUS8SYLAWYQQKPGQAPRLIIYGA				
						Section 2
	(53)	53	60	70	80	90 104
CR2-1.51.1 LC	(53)	SNRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGS8SLFTFPGPGTK				
A27	(53)	SNRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGS8P-----				
Consensus	(53)	S RATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGS8				
						Section 3
	(105)	10508				
CR2-1.51.1 LC	(105)	VDIK				
A27	(97)	----				
Consensus	(105)					



10041860.081302

ANTIBODIES DIRECTED TO PDGFD AND USES THEREOF

Corvalan et al.

Appl. No.: 10/041,860 Atty Docket: ABGENIX.051A

**FIGURE 40****Figure 40A**

						Section 1
	(1)	1	10	20	30	40 52
Cur2-6.4.1 hc	(1)	QVQLVQSGAEVRKFGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWIN				
VH1-8	(1)	QVQLVQSGAEVRKFGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWIN				
Consensus	(1)	QVQLVQSGAEVRKFGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWIN				
						Section 2
	(53)	53	60	70	80	90 104
Cur2-6.4.1 hc	(53)	PNSGNTDYACKFQGRVTMTRDTSTISTAYMELSSLRSEDTAIYYCVRGPGYSY				
VH1-8	(53)	PNSGNTGYACKFQGRVTMTRNTSTISTAYMELSSLRSEDTAIYYCAR-----				
Consensus	(53)	PNSGNT YAOKFQGRVTMTR TSISTAYMELSSLRSEDTAIYYC R				
						Section 3
	(105)	105	110	125		
Cur2-6.4.1 hc	(105)	NYDYYYGMDVWGQGTTVTVSS				
VH1-8	(99)	-----				
Consensus	(105)					

**Figure 40B**

							Section 1
	(1)	1	10	20	30	40	52
Cur2-6.4.1_Lc	(1)	EIVLTQSPGTL <del>SLSPGERATL</del> SCRASQSVSSSYLAWYQOKPGQAPRLITYT					
A27	(1)	EIVLTQSPGTL <del>SLSPGERATL</del> SCRASQSVSSSYLAWYQOKPGQAPRLITYA					
Consensus	(1)	EIVLTQSPGTL <del>SLSPGERATL</del> SCRASQSVSSSYLAWYQOKPGQAPRLITYA					
							Section 2
	(53)	53	60	70	80	90	104
Cur2-6.4.1_Lc	(53)	SSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPFCSPGQGTK					
A27	(53)	SSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSP-----					
Consensus	(53)	SSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSP					
							Section 3
	(105)	10808					
Cur2-6.4.1_Lc	(105)	LEIK					
A27	(97)	----					
Consensus	(105)						

Figure 41A

CLONE #	VH	#DE .L	VH END	# N's	N Sequence	DH	Size of D	D Sequence	# N's	N Sequence	JH	# del	JH Segment
1.19.1	DP-15/1-8	-1	CGAGAG (SEQ ID NO:92)	3	ACG	D3-16	28	TTATGATTACGTTT GGGGAGTTATCGT (SEQ ID NO:93)	2	GC	JH6 B	-12	ACTACG (SEQ ID NO:94)
1.19.2	DP-15/1-8	-1	CGAGAG (SEQ ID NO:92)	3	ACG	D3-16	28	TTATGATTACGTTT GGGGAGTTATCGT (SEQ ID NO:93)	2	GC	JH6 B	-12	ACTACG (SEQ ID NO:94)
1.19.3	DP-15/1-8	-1	CGAGAG (SEQ ID NO:92)	3	ACG	D3-16	28	TTATGATTACGTTT GGGGAGTTATCGT (SEQ ID NO:93)	2	GC	JH6 B	-12	ACTACG (SEQ ID NO:94)
6.4.1	DP-15/1-8	0	GAGAGG (SEQ ID NO:95)	3	CTT	D5-18	12	TGGATACAGCTA (SEQ ID NO:96)	2	TA	JH6 B	0	ATTACTAC (SEQ ID NO:97)
6.4.2	DP-15/1-8	0	GAGAGG (SEQ ID NO:95)	3	CTT	D5-18	12	TGGATACAGCTA (SEQ ID NO:96)	2	TA	JH6 B	0	ATTACTAC (SEQ ID NO:97)
6.4.3	DP-15/1-8	0	GAGAGG (SEQ ID NO:95)	3	CTT	D5-18	12	TGGATACAGCTA (SEQ ID NO:96)	2	TA	JH6 B	0	ATTACTAC (SEQ ID NO:97)

CLONE	vk	#de .l	vk end	#n	N SEQ	Jk	# del	JK end
-------	----	--------	--------	----	-------	----	-------	--------

1.19.1	A30	-3	TTACCC (SEQ ID NO:98)	6	GTGCAG (SEQ ID NO:99)	JK2	-7	TTTTGG (SEQ ID NO:100)
1.19.2	A30	-3	TTACCC (SEQ ID NO:98)	6	GTGCAG (SEQ ID NO:99)	JK2	-7	TTTTGG (SEQ ID NO:100)





Figure 41B

1.19. 3	A30	-3	TTACCC (SEQ ID NO:98)	6	GTGCAG (SEQ ID NO:99)	JK2	-7	TTTTGG (SEQ ID NO:100)
6.4.1	A27/A27A	-3	CTCACC (SEQ ID NO:101)	6	GTGCAG (SEQ ID NO:102)	JK2	-7	TTTTGG (SEQ ID NO:103)
6.4.2	A27/A27A	-3	CTCACC (SEQ ID NO:101)	6	GTGCAG (SEQ ID NO:102)	JK2	-7	TTTTGG (SEQ ID NO:103)
6.4.3	A27/A27A	-3	CTCACC (SEQ ID NO:101)	6	GTGCAG (SEQ ID NO:102)	JK2	-7	TTTTGG (SEQ ID NO:103)

Figure 42A

CLONE #	VH	#DEL	VH END (SEQ ID NO:104)	# N's	N Sequence	DH	Size of D	D Sequence (SEQ ID NO:105)	# N's	N Sequence	JH	# del	JH Segment
1.6.1	DP-77/3-21	0	GAGAGA (SEQ ID NO:104)	0	0	D3-16	22	TATTATGATAC GTTGGGGGA (SEQ ID NO:105)	14	ATTATCGCC TCGTT (SEQ ID NO:106)	JH4B	-1	CTACTT (SEQ ID NO:107)
1.6.1	DP-77/3-21	0	GAGAGA (SEQ ID NO:104)	0	0	D3-16	22	TATTATGATAC GTTGGGGGA (SEQ ID NO:105)	14	ATTATCGCC TCGTT (SEQ ID NO:106)	JH4B	-1	CTACTT (SEQ ID NO:107)
1.6.1	DP-77/3-21	0	GAGAGA (SEQ ID NO:104)	0	0	D3-16	22	TATTATGATAC GTTGGGGGA (SEQ ID NO:105)	14	ATTATCGCC TCGTT (SEQ ID NO:106)	JH4B	-1	CTACTT (SEQ ID NO:107)
1.11.1	DP-42/3-53	-5	AGAGA (SEQ ID NO:108)	3	GGA	D4-17	10	ACGGTACTA (SEQ ID NO:109)	5	CGAAT (SEQ ID NO:110)	JH6B	-2	TACTACT A (SEQ ID NO:111)
1.11.2	DP-42/3-53	-5	AGAGA (SEQ ID NO:108)	3	GGA	D4-17	10	ACGGTACTA (SEQ ID NO:109)	5	CGAAT (SEQ ID NO:110)	JH6B	-2	TACTACT A (SEQ ID NO:111)
1.23.1	DP-73/5-51	0	GAGACA (SEQ ID NO:112)	18	TGTATCGTATTACT ATGT (SEQ ID NO:113)	D3-10	19	TTCGGGGAGTTA TTATAAC (SEQ ID NO:114)	2	GT	JH4B	-4	CTTGA (SEQ ID NO:115)
1.23.2	DP-73/5-51	0	GAGACA (SEQ ID NO:112)	18	TGTATCGTATTACT ATGT (SEQ ID NO:113)	D3-10	19	TTCGGGGAGTTA TTATAAC (SEQ ID NO:114)	2	GT	JH4B	-4	CTTGA (SEQ ID NO:115)

CLONE	Vk	#del	Vk end	N SEQ	Jk	# del	JK end
-------	----	------	--------	-------	----	-------	--------





Figure 42B

				#n				
1.6.1	A30	-3	TTACCC (SEQ ID NO:116)	0	0	JK4	0	GCTCACT (SEQ ID NO:117)
1.6.2	A30	-3	TTACCC (SEQ ID NO:116)	0	0	JK4	0	GCTCACT (SEQ ID NO:117)
1.6.3	A30	-3	TTACCC (SEQ ID NO:116)	0	0	JK4	0	GCTCACT (SEQ ID NO:117)
1.11.1	A3/A19/DPK	-4	AAACTC (SEQ ID NO:118)	0	0	JK4	-2	TCACTTTC (SEQ ID NO:119)
1.11.2	A3/A19/DPK	-4	AAACTC (SEQ ID NO:118)	0	0	JK4	-2	TCACTTTC (SEQ ID NO:119)
1.23.1	A30	-3	TTACCC (SEQ ID NO:120)	0	0	JK1	0	GTGGAC (SEQ ID NO:120)
1.23.2	A30	-3	TTACCC (SEQ ID NO:120)	0	0	JK1	0	GTGGAC (SEQ ID NO:120)

10041860.081302



Figure 43A

CLONE #	VH	#DEL	VH END	# N's	N Sequence	DH	Size of D	D Sequence	# N's	N Sequence	JH	# del	JH Segment
1.17.1	DP-60/3-33	0	GAGAGA (SEQ ID NO:121)	4	TCAA	D6-18	8	GGATACA (SEQ ID NO:122)	9	ATATGCTG G (SEQ ID NO:123)	JH6B	-1	TTACTACT (SEQ ID NO:124)
1.17.2	DP-60/3-33	0	GAGAGA (SEQ ID NO:121)	4	TCAA	D6-18	8	GGATACA (SEQ ID NO:122)	9	ATATGCTG G (SEQ ID NO:123)	JH6B	-1	TTACTACT (SEQ ID NO:124)
1.17.3	DP-60/3-33	0	GAGAGA (SEQ ID NO:121)	4	TCAA	D6-18	8	GGATACA (SEQ ID NO:122)	9	ATATGCTG G (SEQ ID NO:123)	JH6B	-1	TTACTACT (SEQ ID NO:124)
1.18	DP-16/1-8	1	CGAGAG (SEQ ID NO:125)	1	A	D6-19	19	GGGTATAG CAGTGGCT GG (SEQ ID NO:126)	4	GACA	JH6B	-2	TACTAC (SEQ ID NO:127)
1.24.1	DP-60/3-33	0	GAGAGA (SEQ ID NO:128)	4	TCAG	DK4	18	GGATACAG CTATGGTT AC (SEQ ID NO:129)	2	GT	JH6B	-4	CTACTA (SEQ ID NO:130)
1.24.2	DP-60/3-33	0	GAGAGA (SEQ ID NO:128)	4	TCAG	DK4	18	GGATACAG CTATGGTT AC (SEQ ID NO:129)	2	GT	JH6B	-4	CTACTA (SEQ ID NO:130)
1.26.1	DP-73/5-61	0	GAGACA (SEQ ID NO:131)	6	TGGATC (SEQ ID NO:132)	D3-10	30	GTAATATTA TGGTTCGG AGACTTATT ATAA	3	TGT	JH4B	-4	CTTTGA (SEQ ID NO:135)

20041860, 081302





Figure 43B

CLONE #	VH	#DEL	VH END (SEQ ID NO:131)	# N's	N Sequence	DH	Size of D	D Sequence (SEQ ID NO:133)	# N's	N Sequence	JH	# del	JH Segment (SEQ ID NO:134)
1.25.2	DP-73/5-51	0	GAGACA (SEQ ID NO:131)	6	TGGATC (SEQ ID NO:132)	D3-10	30	GTATATTA TGGTTCGG AGACTTATT ATAA (SEQ ID NO:133)	3	TGT	JH4B	-4	CTTTGA (SEQ ID NO:134)
1.28	DP-73/5-51	0	GAGACA (SEQ ID NO:135)	1	C	D5-12	21	GTGGATGT AGGGGCT ACGATT (SEQ ID NO:136)	7	GGGGAT (SEQ ID NO:137)	JH6B	0	ATTACTAC (SEQ ID NO:138)
1.33	DP-14/1-18	0	GAGAGA (SEQ ID NO:139)	2	TC	D21-9	18	ATTACTAT GATAGTAG TG (SEQ ID NO:140)	7	ATTATCT (SEQ ID NO:141)	JH6B	-4	CTACTA (SEQ ID NO:142)
1.38.1	DP-60/3-33	1	CGAGAG (SEQ ID NO:143)	2	GA	D21-9	19	TATTACTA TGATAGTA GTG (SEQ ID NO:144)	7	ATTATCT (SEQ ID NO:145)	JH6B	-4	CTACTA (SEQ ID NO:146)
1.39.1	DP-73/5-51	0	GAGACA (SEQ ID NO:147)	6	TGGATC (SEQ ID NO:148)	D3-10	31	GTATTACT ATaATTCG GGGAGTTA TTATAAC (SEQ ID NO:149)	2	GT	JH4B	-4	CTTTGA (SEQ ID NO:150)
1.39.2	DP-73/5-51	0	GAGACA (SEQ ID NO:147)	6	TGGATC (SEQ ID NO:148)	D3-10	31	GTATTACT ATaATTCG GGGAGTTA TTATAAC (SEQ ID NO:149)	2	GT	JH4B	-4	CTTTGA (SEQ ID NO:150)

10041860.001302



Figure 43C

CLONE #	VH	#DEL	VH END	# N's	N Sequence	DH	Size of D	D Sequence	# N's	N Sequence	JH	#del	JH Segment
1.40.1	DP-16/1-8	1	CGAGAG (SEQ ID NO:151)	0	0	D2	25	ATATTGTA GTGGTGGT AGCTGCTA C (SEQ ID NO:152)	2	CA	JH6B	-6	ACTACT (SEQ ID NO:153)
1.40.2	DP-16/1-8	1	CGAGAG (SEQ ID NO:151)	0	0	D2	25	ATATTGTA GTGGTGGT AGCTGCTA C (SEQ ID NO:152)	2	CA	JH6B	-6	ACTACT (SEQ ID NO:153)
1.45	DP-16/1-8	0	GAGAGG (SEQ ID NO:154)	2	CA	DK4	20	GTGGATAC AGCTATGG TTAC (SEQ ID NO:155)	1	G	JH6B	-6	ACTACT (SEQ ID NO:156)
1.46.1	DP-16/1-8	1	CGAGAG (SEQ ID NO:157)	0	0	D2	25	ATATTGTA GT GGTGGTA GCTGCTAC (SEQ ID NO:158)	2	GG	JH6B	-6	ACTACT (SEQ ID NO:159)
1.46.2	DP-16/1-8	1	CGAGAG (SEQ ID NO:157)	0	0	D2	25	ATATTGTA GTGGTGGT AGCTGCTA C (SEQ ID NO:158)	2	GG	JH6B	-6	ACTACT (SEQ ID NO:159)
1.46.1	DP-14/1-18	1	CGAGAG (SEQ ID NO:160)	7	TGTTGAA (SEQ ID NO:161)	D21-8	20	TATTACTA TGATGGTA GTGGTTAT (SEQ ID NO:162)	1	T	JH4B	0	ACTACT (SEQ ID NO:163)
1.48.2	DP-14/1-18	1	CGAGAG	7	TGTTGAA	D21-8	20	TATTACTA	1	T	JH4B	0	ACTACT

Figure 43D

CLONE #	VH	#DEL	VH END	# N's	N Sequence	DH	Size of D	D Sequence	# N's	N Sequence	JH	# del	JH Segment
			(SEQ ID NO:160)		(SEQ ID NO:161)			TGATGTA GTGGTTAT (SEQ ID NO:162)					(SEQ ID NO:163)
1.49.1	DP-15/1-8	2	GCGAGA (SEQ ID NO:164)	5	ATGAG (SEQ ID NO:165)	D5-12	17	GGATATAG TGGCTACG A (SEQ ID NO:166)	3	GCT	JH6B	0	ATTACTAC (SEQ ID NO:167)
1.49.2	DP-15/1-8	2	GCGAGA (SEQ ID NO:164)	5	ATGAG (SEQ ID NO:165)	D5-12	17	GGATATAG TGGCTACG A (SEQ ID NO:166)	3	GCT	JH6B	0	ATTACTAC (SEQ ID NO:167)
1.51.1	DP-73/5-51	0	GAGACA (SEQ ID NO:168)	1	C	D3-16	31	TATGATTA CGTTTGGa GGAATTAT CCGTATA (SEQ ID NO:169)	5	CAGGG (SEQ ID NO:170)	JH5B	-5	TGGTTC (SEQ ID NO:171)
1.51.2	DP-73/5-51	0	GAGACA (SEQ ID NO:168)	1	C	D3-16	31	TATGATTA CGTTTGGa GGAATTAT CCGTATA (SEQ ID NO:169)	5	CAGGG (SEQ ID NO:170)	JH5B	-5	TGGTTC (SEQ ID NO:171)

CLONE	vk	#del	vk end	#n	N SEQ	JK	#del	JK end
-------	----	------	--------	----	-------	----	------	--------

1.17.1	A30	3	TTACCC (SEQ ID NO:172)	0	0	JK4	0	GCTCACT (SEQ ID NO:173)
--------	-----	---	------------------------	---	---	-----	---	-------------------------





Figure 43E

CLONE	Vk	#del	vk end	#n	N SEQ	JK	#del	JK end
1.17.2	A30	3	TTACCC (SEQ ID NO:172)	0	0	JK4	0	GCTCACT (SEQ ID NO:173)
1.17.3	A30	3	TTACCC (SEQ ID NO:172)	0	0	JK4	0	GCTCACT (SEQ ID NO:173)
1.18	A30	3	TTACCC (SEQ ID NO:174)	0	0	JK3	0	ATTCAC (SEQ ID NO:175)
1.24.1	A30	3	TTACCC (SEQ ID NO:176)	0	0	JK1	0	GTGGAC (SEQ ID NO:177)
1.24.2	A30	3	TTACCC (SEQ ID NO:176)	0	0	JK1	0	GTGGAC (SEQ ID NO:177)
1.25.1	A30	3	TTACCC (SEQ ID NO:178)	0	0	JK1	0	GTGGAC (SEQ ID NO:179)
1.25.2	A30	3	TTACCC (SEQ ID NO:178)	0	0	JK1	0	GTGGAC (SEQ ID NO:179)
1.29	A3/A19/DPK	7	CTACAA (SEQ ID NO:180)	14	TCTCTCATG TGCAG (SEQ ID NO:181)	JK2	-7	TTTTGG (SEQ ID NO:182)
1.33	A20/DPK4	3	TGCCCC (SEQ ID NO:183)	0	0	JK4	0	GCTCAC (SEQ ID NO:184)
1.38.1	A20/DPK4	3	TGCCCC (SEQ ID NO:185)	0	0	JK1	0	GTGGAC (SEQ ID NO:186)
1.39.1	A30	3	TTACCC (SEQ ID NO:187)	0	0	JK1	0	GTGGAC (SEQ ID NO:188)

2051807.0964001



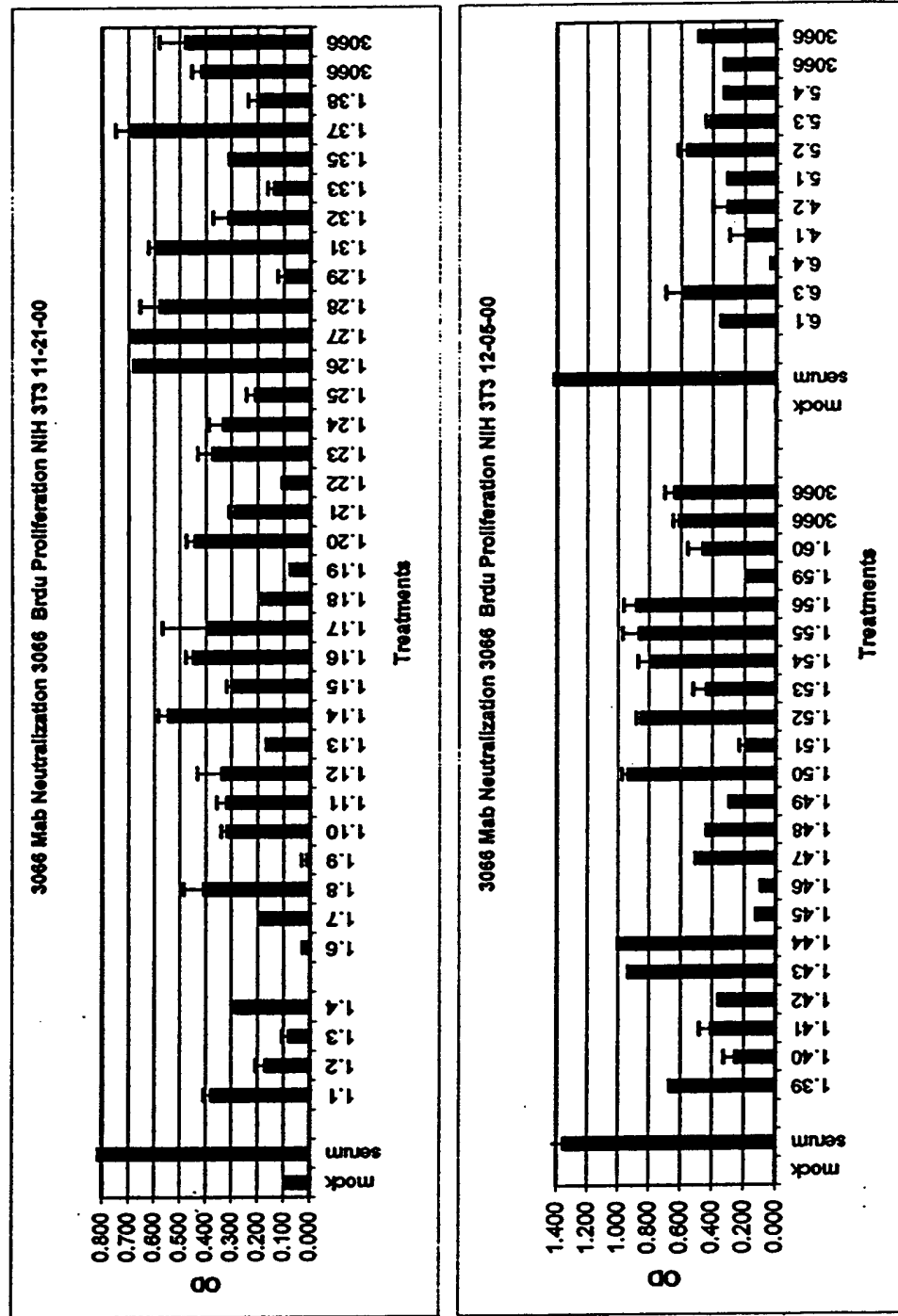
Figure 43F

CLONE	vk	#del	vk end (SEQ ID NO:187)	#n	N SEQ	JK	#del	JK end (SEQ ID NO:188)
1.38.2	A30	3	TTACCC (SEQ ID NO:187)	0	0	JK1	0	GTGGAC (SEQ ID NO:188)
1.45	A20/DPK4	3	TGCCCC (SEQ ID NO:189)	0	0	JK3	0	ATTCAC (SEQ ID NO:190)
1.46.1	A30	0	CCCTCC (SEQ ID NO:191)	0	0	JK1	-3	GACGTT (SEQ ID NO:192)
1.46.2	A30	0	CCCTCC (SEQ ID NO:191)	0	0	JK1	-3	GACGTT (SEQ ID NO:192)
1.48.1	L5/DPK5N	1	TCCCTC (SEQ ID NO:193)	0	0	JK1	-2	GGACGTT (SEQ ID NO:194)
1.48.2	L5/DPK5N	1	TCCCTC (SEQ ID NO:193)	0	0	JK1	-2	GGACGTT (SEQ ID NO:194)
1.49.1	A3/A19/DPK	5	CAAACT (SEQ ID NO:195)	0	0	JK5	-1	ATCACC (SEQ ID NO:196)
1.49.2	A3/A19/DPK	5	CAAACT (SEQ ID NO:195)	0	0	JK5	-1	ATCACC (SEQ ID NO:196)
1.51.1	A27/A27A	4	GCTCAC (SEQ ID NO:197)	1	T	JK3	0	ATTCAC (SEQ ID NO:198)
1.51.1	A27/A27A	4	GCTCAC (SEQ ID NO:197)	1	T	JK3	0	ATTCAC (SEQ ID NO:198)

10041860.081302

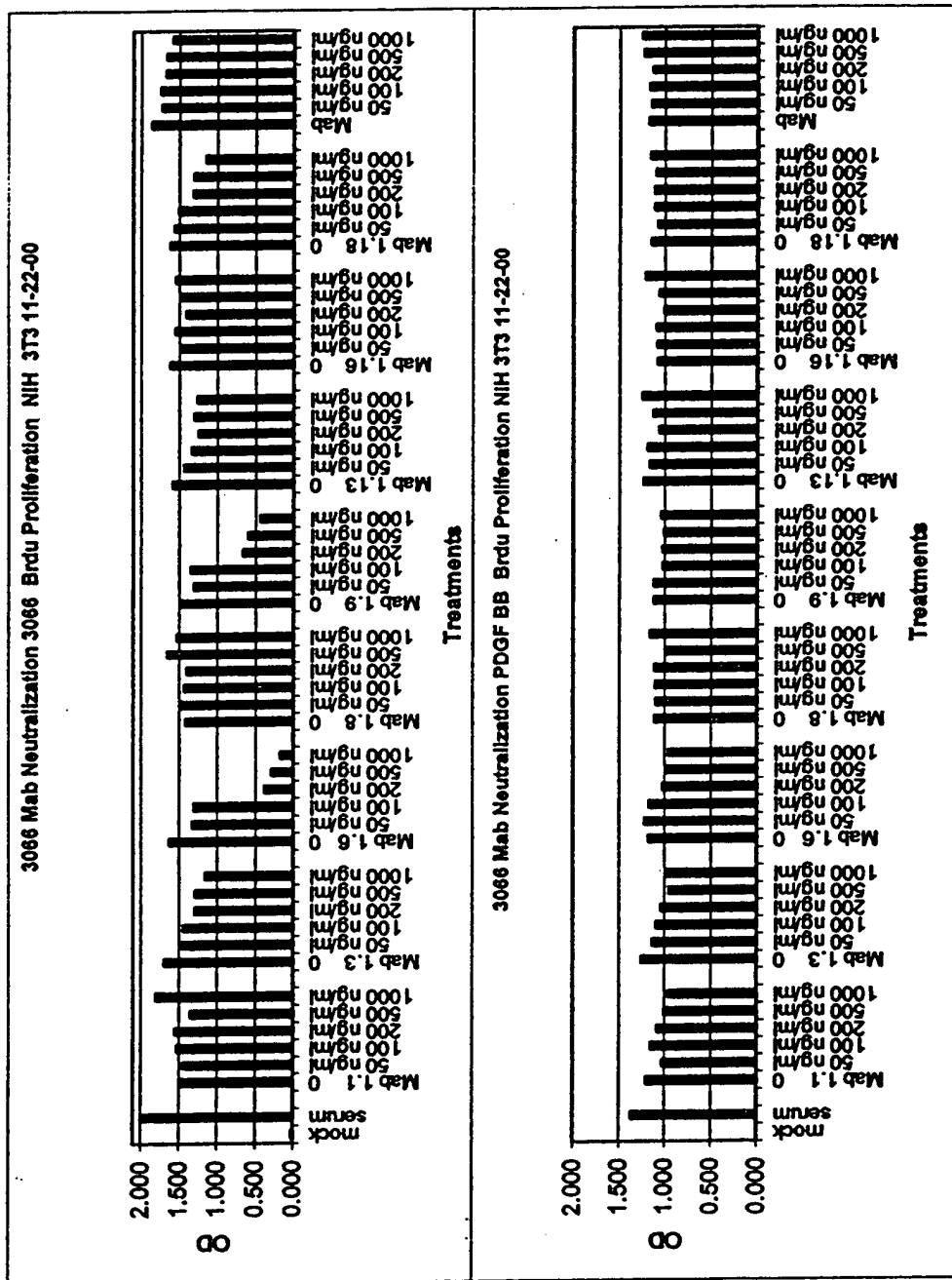
U.S. PATENT & TRADEMARK OFFICE  
 AUG 13 2002  
 JG42

FIGURE 44



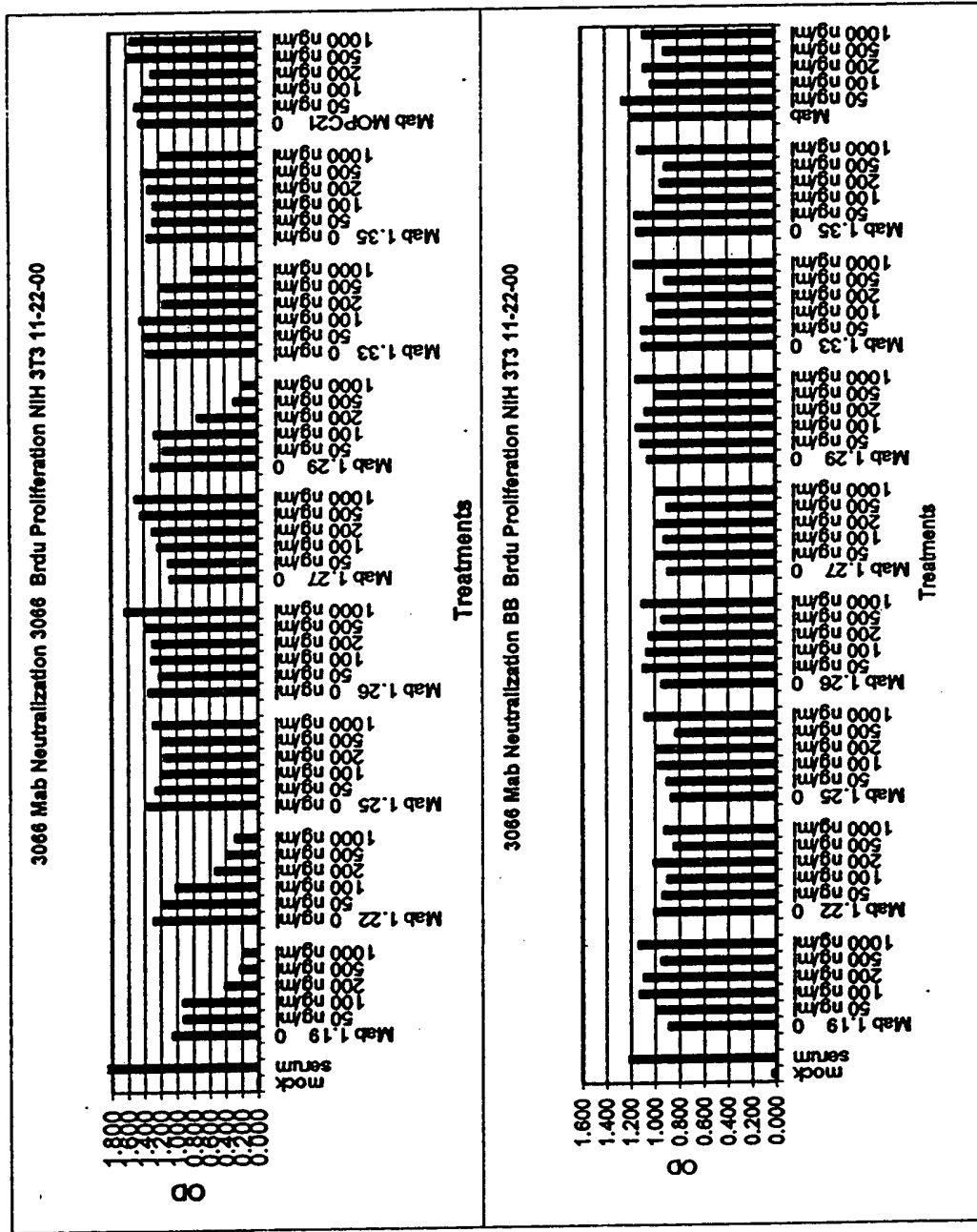
202130 09514001

**FIGURE 45**





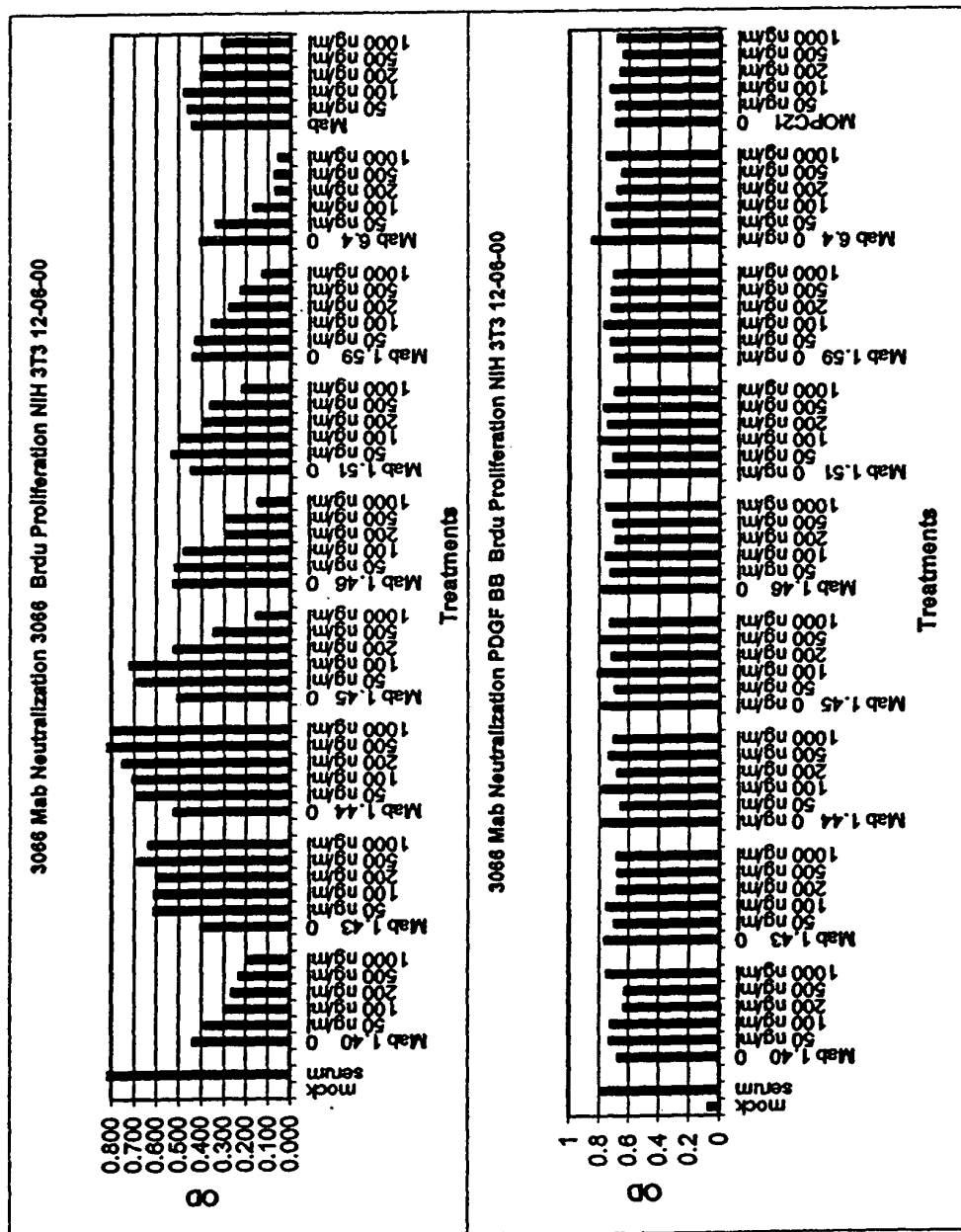
**FIGURE 46**



2021907.094001



FIGURE 47



PATENT  
AUG 13 2002

ANTIB

DIRECTED TO PDGFD AND USES THEREOF

Corvalan, et al.

Appl. No.: 10/041,860 Atty Docket: ABGENIX.051A

10041860.001302

FIGURE 48

1.19 H	1	Q	A	A V V K	T	D N	T Q	WMNPNSGN G	60
6.4 H	1	Q	A	A V V K	T	D N	T Q	WINPNSGN D	60
1.18 H	1	Q	A	A V V K	T	D N	T Q	WMNPNSGN G	60
1.40 H	1	Q	A	A V V K	T	T D N	T Q	WMNPNSGN G	60
1.45 H	1	Q	A	A V V K	T	D N	T Q	WMNPNSGN G	60
1.46 H	1	Q	A	A V V K	S	D N	T Q	WMNPNSGN G	60
1.49 H	1	Q	A	A V V K	T	D N	T Q	WMNPNSGN G	60
1.33 H	1	Q	A	A V V K	T	G S	P Q	WISAYNGN N	60
1.48 H	1	Q	A	A V V K	T	G S	P Q	WISAYNGN N	60
1.6 H	1	E	E GGLV	G LRL A	FN RT NMN		P K	VSSISSSSSNIY	60
1.17 H	1	Q	E GG VQ	K LRL A	FT S GMH		P K	VAVIWDGNSNKY	60
1.24 H	1	Q	E GG VQ	R LRL A	FS S GMH		P K	VADIWDGNSNKY	60
1.38 H	1	Q	E GG VQ	R LRL A	FT S GMH		P K	VAVIWDGNSNKY	60
1.11 H	1	E	GGLIQ	G LRL A	FTVS NYMS		P K	VSVIYSGGS- Y	59
1.23 H	1	E	A	E L I EG	S W G		MP K	IIYPGDS D R	60
1.25 H	1	E	A	E L I KG	R W G		MP K	IIYPGDS D R	60
1.29 H	1	E	A	E L I KG	S W G		MP K	IIYPGDS D R	60
1.39 H	1	E	T	E L I KG	R W G		MP K	IIYPGDS D R	60
1.51 H	1	E	A	E L I KG	S W G		MP K	IIYPGDS D R	60

[ CDR1 ]

[ CDR2 ]

1.19 H	61	QKF	V MTRNT I	MELS	SE	V	--DVM-ITFGGVIVH-YGM V	116
6.4 H	61	QKF	V MTRDT I	MELS	SE	I V	--GFG-YSYN-YD -YGM V	115
1.18 H	61	QKF	V MTRNT I	MELS	SE	V	--EG--IAVAGTY YYGM V	116
1.40 H	61	QKF	V MTRNT L	MELS	SE	V	--DIV-VVVAATN -NGM V	116
1.45 H	61	QKF	V MTRNT I	MELS	SE	V	--GSG-YSYG-YD -YGM V	115
1.46 H	61	QKF	V MTRNT I	MELS	SE	V	--DIV-VVVTATD -YGM V	116
1.49 H	61	QKF	V MTRNT I	MELS	SE	V F	--MRD-IVATSYY FYGM V	117
1.33 H	61	QKL	V MTTDT T	MELR	SD	V	--DHY-YDSSDYL YYGL V	117
1.48 H	61	QKL	V MTTDT T	MELR	SD	V	DVEYY-YDGS GYY FDY----	115
1.6 H	61	DSVK	F ISRDNAKNSL LQMN	AE	V		DIMI---TFG-GIIASFYF Y	116
1.17 H	61	DSVK	F ISRDN KN L LQMN	AE	V		DQGY---RYA-GY DYGM V	116
1.24 H	61	DSVK	F ISRDN KN L LQMN	AE	V		DQGY---SYG-YV DYGM V	116
1.38 H	61	DSVK	F VSRDN KN L LQMN	AE	V		GYYYD--SSD-YL YYGM V	117
1.11 H	60	DSVK	F ISRDN KN L LQMN	AE	V		GTVTT-----N YYGM V	110
1.23 H	61	SPSF	QV ISADK I	LQWS	KAS	M	HVSY---YVSGS -NVF Y	116
1.25 H	61	SPSF	QV ISADK I	LQWS	KAS	M	HGSY---YVGSET -NVF Y	116
1.29 H	61	SPSF	QA ISADK I	LQWS	KAS	M	HVDVGATIGGYYY -HGM V	119
1.39 H	61	SPSF	QV ISADK I	LQWS	KAS	M	HGSY---YVSGS -NVF Y	116
1.51 H	61	SPSF	QV ISADK I	LQWS	KAS	M	HYDY---VWRNYR T-GWF P	116

[ CDR3 ]



ANTIB

DIRECTED TO PDGFD AND USES THEREOF

10041860.081302

Corvalan, et al.

Appl. No.: 10/041,860 Atty Docket: ABGENIX.051A

FIGURE 48 (CONT)

1.19 H	117	T	126
6.4 H	116	T	125
1.18 H	117	T	126
1.40 H	117	T	126
1.45 H	116	T	125
1.46 H	117	T	126
1.49 H	118	T	127
1.33 H	118	T	127
1.48 H	116	L	125
1.6 H	117	L	126
1.17 H	117	T	126
1.24 H	117	T	126
1.38 H	118	T	127
1.11 H	111	T	120
1.23 H	117	L	126
1.25 H	117	L	126
1.29 H	120	T	129
1.39 H	117	L	126
1.51 H	117	L	126



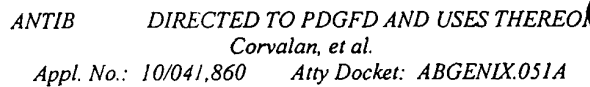
FIGURE 49

1.48 L 1		V		T	SS-----W A	A KL	I Q 55
1.49 L 1	V	L	PVTP EPAS S S	S	SLLHSNGYNY D LL	QS QL	LG SRA 60
1.11 L 1	V	L	PVTP EPAS S S	S	SLLQSNNGYNY D L	QS QL	LG NRA 60
1.29 L 1	V	L	PVTP EPAS S S	S	SLLHSNGYNY D L	QS QL	LG NRA 60
1.45 L 1				N	SN-----D A	V KL	T Q 55
1.33 L 1				T	SN-----Y A	V KL	T Q 55
1.38 L 1				T	SN-----Y A	V NL	T Q 55
6.4 L 1	E VL	GT	L P E A LS		SVSSS-----Y A	QA RL	T SRA 56
1.51 L 1	E VL	GT	L P E A LS		SVSSS-----Y A	QA RL	G NRA 56
1.19 L 1				T	RN-----D G	A KR	S Q 55
1.18 L 1				T	RN-----D G	A KR	S Q 55
1.16 L 1				T	RN-----D G F	A KR	S Q 55
1.23 L 1				T	RN-----D G	I A KR	S Q 55
1.25 L 1				T	RN-----D G	A KR	S Q 55
1.39 L 1				T	RN-----D G	A KR	S Q 55
1.17 L 1				T	RN-----D G	A KR	S Q 55
1.24 L 1				T	RN-----D G	A KR	S Q 55
1.46 L 1				T	RN-----D G	A KR	F S P 55

[ CDR1 ] [ CDR2 ]

1.48 L 56			D		F S	Q SN F R -	Q	107
1.49 L 61		D	D	K RVEA	VG V	M TLQTIT--	Q RL	111
1.11 L 61		D	D	K RVEA	VG V	M ALQTLT--	G	111
1.29 L 61		D	D	K RVEAD	VG V	M ALQSLMCS	Q L	113
1.45 L 56	L		D		V T	QKYN A F -	P D	107
1.33 L 56			D		V T	QKYN A L -	G	107
1.38 L 56			D S		V A	QKCN A W -	Q T	107
6.4 L 57	T I D		D	R E	F V	Q YG S CS-	Q L	108
1.51 L 57	T I D		D	R E	F V	Q YG SLF -	P D	108
1.19 L 56			D		F T	L HN D CS-	Q L R	107
1.18 L 56			E		F T F	L HN Y F -	P D	107
1.16 L 56			E		F T	L HN Y L -	G	107
1.23 L 56	R		E		F T	L HN Y W -	Q	107
1.25 L 56			E		F T	L HN Y W -	Q	107
1.39 L 56			E		F T	L HN Y W -	Q	107
1.17 L 56			E		F T	L HN Y L -	G	107
1.24 L 56			E		F T	L HN Y W -	Q	107
1.46 L 56			E		F T	L HSGY P -	Q	107

[ CDR3 ]



1.19 H	120	126
6.4 H	119	125
1.18 H	120	126
1.40 H	120	126
1.45 H	119	125
1.46 H	120	126
1.49 H	121	127



FIGURE 51

1.33 H 1  
1.48 H 1

60  
60

[ CDR1 ]

[ CDR2 ]

1.33 H 61  
1.48 H 61

--DH S D L YY GLDV 118  
DVEY G G Y FD ---- 116  
[ CDR3 ]

1.33 H 119 T 127  
1.48 H 117 L 125



FIGURE 52

1.17 H 1	K	T	V	SN	60
1.24 H 1	R	S	D	SN	60
1.38 H 1	R	T	I	ND	60
		[ CDR1 ]	[ CDR2 ]		
1.17 H 61	I				
1.24 H 61	I				
1.38 H 61	V				
			DQG -RYAGY D		119
			DQG -SYGYV D		119
			GYG DSSDYL Y		120
			[ CDR3 ]		
1.17 H 120	126				
1.24 H 120	126				
1.38 H 121	127				



ANTIB DIRECTED TO PDGFD AND USES THEREOF  
 Corvalan, et al.  
 Appl. No.: 10/041,860 Atty Docket: ABGENIX.051A

FIGURE 53

1.23 H 1		E	S	60
1.25 H 1			R	60
1.29 H 1			S	60
1.39 H 1	T		R	60
1.51 H 1			S	60
			AK	60
		[ CDR1 ]	[ CDR2 ]	

1.23 H 61		VS YYVSG---S NV Y	117
1.25 H 61		GS YYGSE---T NV Y	117
1.29 H 61	A	VDVGATIGGYYY HGM V	120
1.39 H 61		GS YYNSG---S NV Y	117
1.51 H 61		YD VWRNY---R TGW P	117
		[ CDR3 ]	

1.23 H 118		126
1.25 H 118		126
1.29 H 121	T	129
1.39 H 118		126
1.51 H 118		126



FIGURE 54

1.49 L 1  
1.11 L 1  
1.29 L 1

H	L	S	60
Q	Q	N	60
H	Q	N	60
[ CDR1 ]		[ CDR2 ]	

1.49 L 61  
1.11 L 61  
1.29 L 61

E	T	TIT--	Q	RL	111
E	A	TLT--	G	KV	111
D	A	SLMCS	Q	KL	113
		[ CDR3 ]			



ANTIBODY DIRECTED TO PDGFD AND USES THEREOF  
Corvalan, et al.  
Appl. No.: 10/041,860 Atty Docket: ABGENIX.051A

10041860.051.002

FIGURE 55

1.45 L 1  
1.33 L 1  
1.38 L 1

N	D	K	L	60
T	Y	K	S	60
T	Y	N	S	60
[ CDR1 ]		[ CDR2 ]		

1.45 L 61  
1.33 L 61  
1.38 L 61

T	T	Y	F	P	K	D	107
T	T	Y	L	G	K	E	107
S	A	C	W	Q	T	E	107
		[ CDR3 ]					



ANTIBIO DIRECTED TO PDGFD AND USES THEREOF  
Corvalan, et al.  
Appl. No.: 10/041,860 Atty Docket: ABGENIX.051A

1004860 081302

FIGURE 56

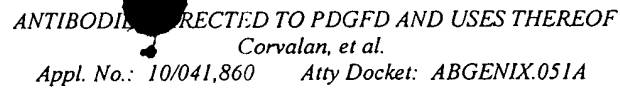
6.4 L 1  
1.51 L 1

[ CDR1 ]

AT S 60  
GA N 60  
[ CDR2 ]

6.4 L 61  
1.51 L 61

PCS Q LE 108  
LFT P VD 108  
[ CDR3 ]



	D	CS	Q	L	R	107
F		F	P	D		107
		L	G			107
		W	Q			107
		W	Q			107
		W	Q			107
		L	G			107
		W	Q			107
	SG	P	Q			107
	[ CDR3 ]					